

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND

09/674266

**PRIORITY
DOCUMENT**

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)



REC'D 13 JUL 1999	
WIPO	PCT

Bescheinigung

OE39 / 1258

PUB 4 NOV
135

Die metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH in Berlin/Deutschland hat
eine Patentanmeldung unter der Bezeichnung

"Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorge-
webe"

am 28. April 1998 beim Deutschen Patent- und Markenamt eingereicht.

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprüng-
lichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

Die Anmeldung hat im Deutschen Patent- und Markenamt vorläufig die Symbole
C 07 K, A 61 K und C 07 H der Internationalen Patentklassifikation erhalten.

München, den 28. Mai 1999

Deutsches Patent- und Markenamt

Der Präsident

Im Auftrag

Sleek

Aktenzeichen: 198 20 190.7

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Pankreastumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

Für die Suche nach Kandidatengen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.

Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-157 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Pankreastumor eine Rolle spielen.

- 5 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 1-88, 90-144.

10 Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 1-88, 90-144.

15

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

- 25 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1-88, 90-144 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157, die im Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.

35 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos 1-157 hybridisieren.

40 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

45 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-157 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

50 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia),
 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos 158-596.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF. ID Nos. 158-596 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtete sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 157 kodiert werden.

- 5 Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 158-596 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet
10 werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-157 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor
15 verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF. ID No. 158-596 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Pankreastumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF. ID No. 158-596 enthalten.

- 25 Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-157, sowie
30 deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID No. 1-157 werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über
35 komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die
40 entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis
45 Seq. ID No. 157, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

Bedeutungen von Begriffen und Abkürzungen

- 5 Nukleinsäuren= Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollständige cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- 10 Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- 15 Singleton= ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match= minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read= maximale Anzahl von Insertionen
- 25 maximum percent mismatch= maximale Abweichung in %

Erklärung der Abbildungen

- 30 Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- 35 Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben
- 40 Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- 45 Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengen

10

15

25

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den

30

Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Pankreasgewebs ESTs.

35

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

40

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

45

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

50

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, **215**, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* **25** 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **85** 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 17 gefunden, die 13,3 x stärker im normalen Pankreastumorgewebe als im normalem Pankreasgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef

	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
5	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

10. FOETUS
%Haeufigkeit

	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
15	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
20	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
25	Sinnesorgane	0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
30	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
	Gastrointestinal	0.0000
35	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
40	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

45 Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
60	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
65	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
70	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef

	Uterus_all	0.0000	0.0000	un	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
5	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
10	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
15	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
20	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
25					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
30	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
40	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0256	1.2204	0.8194
	Brust	0.0371	0.0282	1.3157	0.7601
	Duenndarm	0.0368	0.0662	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0240	0.0494	0.4847	2.0630
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0476	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0345	0.0694	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0333	0.0308	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0388	0.1136	0.3411	2.9315
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0285	0.0065	4.4118	0.2267
	Herz	0.0413	0.0137	3.0068	0.3326
	Hoden	0.0288	0.0234	1.2299	0.8130
	Lunge	0.0249	0.0286	0.8709	1.1482
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
20	Muskel-Skelett	0.0171	0.0120	1.4278	0.7004
	Niere	0.0217	0.0479	0.4532	2.2067
	Pankreas	0.0132	0.0552	0.2393	4.1785
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0196	0.0192	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0473	0.0528	0.8962	1.1158
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0611	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0448			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0434			
	Zervix	0.0532			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.1809
	Gastrointestinal	0.0361
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0433
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0640
45	Lunge	0.0361
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0128
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0356
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0246
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0410
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0179	0.0056	3.1758	0.3149
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0050	3.0566	0.3272
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176	3.1487
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0090	0.0207	0.4331	2.3091
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0963	0.1867	5.3565
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0881	0.0694	1.2701	0.7873
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0453	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0087	0.0511	0.1706	5.8615
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0288			
	Prostata-Hyperplasie	0.0416			
30	Samenblase	0.1157			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0246			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0153	1.7797	0.5619
	Brust	0.0077	0.0169	0.4537	2.2042
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0156	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0255	0.0376	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0211	0.0046	4.5559	0.2195
	Gehirn	0.0111	0.0246	0.4500	2.2223
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0143	0.0129	1.1029	0.9067
	Herz	0.0223	0.0137	1.6190	0.6176
	Hoden	0.0058	0.0351	0.1640	6.0979
	Lunge	0.0187	0.0225	0.8313	1.2029
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
20	Muskel-Skelett	0.0257	0.0180	1.4278	0.7004
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496	6.6857
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0305	0.0170	1.7913	0.5582
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0268			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0047			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0110			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0094	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0104	0.8634	1.1582
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0304
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0228
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0052	0.0092	0.5600	1.7858
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0113	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0123	0.4234	2.3620
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0031	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0128	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0077	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0050	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0053	0.0379	0.1412	7.0845
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0037	0.0041	0.8999	1.1112
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0061	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0010	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0077	0.0056	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0476			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0249
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer N ern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0102	0.0056	1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0194	0.4902	2.0400
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0094	0.2722	3.6736
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0341	0.6398	1.5631
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0359	0.0182	1.9736	0.5067
10	Endokrines_Gewebe	0.0273	0.0226	1.2076	0.8281
	Gastrointestinal	0.0153	0.0185	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0133	0.0144	0.9257	1.0803
	Haematopoetisch	0.0201	0.0379	0.5293	1.8892
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0166	0.0123	1.3548	0.7381
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
	Niere	0.0217	0.0137	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331	0.6978
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
40	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0186			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0486			
	Hoden	0.0386			
	Lunge	0.0328			
65	Nerven	0.0151			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
- 5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0033	0.0387	0.0855	11.6999
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0291			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0102	0.0244	0.4188	2.3879
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0081	0.0175	0.4659	2.1466
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0190	0.0647	0.2941	3.4000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0143	0.3629	2.7557
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0537	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0217	0.0548	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0278
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0076
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0387	0.0427	23.3998
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0499
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35

FOETUS
%Haeufigkeit

40

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0000
 Gehirn 0.0000
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000
 Herz-Blutgefuesse 0.0000

45

Lunge 0.0000
 Nebenniere 0.0000
 Niere 0.0000

50

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55

Brust 0.0000
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.0000
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0029

60

Gastrointestinal 0.0000
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0000

65

Hoden 0.0000
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0120	0.0026	4.6050	0.2172
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0103	0.0062	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35

FOETUS
%Haeufigkeit

40

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0079
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0036
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0062
Placenta	0.0121
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

45

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0101
Endokrines_Gewebe	0.0245
Foetal	0.0052
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0114
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0246
Nerven	0.0090
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0125

60

65

Elektronischer Normieren für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0275	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0059	0.0010	5.7597	0.1736
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0036	
	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0050	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0155	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer No rn für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0000	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
	Lunge	0.0000	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0068	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0101	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0012	
	Gastrointestinal	0.0000	
60	Haematopoetisch	0.0285	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
	Nerven	0.0000	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0115	0.0075	1.5312	0.6531
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0218	0.0192	1.1374	0.8792
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0612			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust 0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0111	0.0031	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0533	0.0562	17.8070
	Prostata 0.0109	0.0149	0.7312	1.3677
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
30	Samenblase 0.0267			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0106			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0075	1.8113	0.5521
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400	1.5626
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0135	0.0061	2.2015	0.4542
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0128	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0800	0.1872	5.3421
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	Duenn darm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0052	0.0082	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0412	0.0514	19.4559
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0456			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0410			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0039	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0036	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0251	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0097	
	Hoden	0.0077	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0131	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

55

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0130	0.2303	4.3431
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0062	0.8400	1.1905
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0259	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
30	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			

35

FOETUS
%Haeufigkeit

40

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0000
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000

45

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000

60

Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000

65

Hoden	0.0000
Lunge	0.0000
Nerven	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085 1.9666
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889 2.5715
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071 4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000
	Herz	0.0138	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000 undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048 3.2806
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133 0.5837
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000 undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118 1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064		
	Prostata-Hyperplasie	0.0059		
30	Samenblase	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156		
	Zervix	0.0213		

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0390	0.0230	1.6949	0.5900
	Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0007	0.0041	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0275	0.0385	25.9412
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0449	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
25	Uterus_Endometrium	0.0608	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0610	0.0408	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0051	0.0075	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0052	2.8781	0.3474
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0201	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0275	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0060
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0583	0.0662	0.8805	1.1357
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0498	0.0139	3.5895	0.2786
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0019	4.0832	0.2449
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0250
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0340
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0110
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0082	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

35

40

45

50

	FOETUS
	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0039
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0036
Lunge	0.0000
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0000
Sinnesorgane	0.0126

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

55

60

65

Brust	0.0000
Eierstock_n	0.0000
Eierstock_t	0.0000
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0000
Gastrointestinal	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0164
Nerven	0.0010
Prostata	0.0137
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0042

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0179		0.2179	4.5888
	Brust	0.0102		0.0056		1.8147	0.5510
	Duennndarm	0.0031		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0000		undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000		0.0093		0.0000	undef
	Gehirn	0.0037		0.0164		0.2250	4.4447
	Haematopoetisch	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048		0.0129		0.3676	2.7200
	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0115		0.0117		0.9839	1.0163
	Lunge	0.0042		0.0082		0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017		0.0180		0.0952	10.5060
	Niere	0.0109		0.0205		0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0017		0.0442		0.0374	26.7427
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0131		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0136		0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
	Samenblase	0.0089					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
40	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
45	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0309					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0068					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0253					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0064					
60	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0227					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0164					
65	Nerven	0.0070					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0150	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0096	0.0092	1.0399	0.9616
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021	0.0082	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0051	3.0509	0.3278
	Brust	0.0128	0.0075	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0286	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0043	3.0709	0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0069	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0534			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0972			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0410			
65	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0232
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust	0.0000	0.0000		undef	undef
		Duennndarm	0.0000	0.0000		undef	undef
		Eierstock	0.0000	0.0000		undef	undef
10		Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000		undef	0.0000
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000		undef	undef
		Gehirn	0.0000	0.0000		undef	undef
		Haematopoetisch	0.0000	0.0000		undef	undef
		Haut	0.0000	0.0000		undef	undef
15		Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef
		Herz	0.0000	0.0000		undef	undef
		Hoden	0.0000	0.0000		undef	undef
		Lunge	0.0000	0.0041		0.0000	undef
		Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000		undef	undef
20		Muskel-Skelett	0.0000	0.0000		undef	undef
		Niere	0.0000	0.0000		undef	undef
		Pankreas	0.0000	0.0166		0.0000	undef
		Penis	0.0000	0.0000		undef	undef
		Prostata	0.0000	0.0000		undef	undef
25		Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000		undef	0.0000
		Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000		undef	undef
		Uterus_allgemein	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust-Hyperplasie	0.0000				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
30		Samenblase	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
		Zervix	0.0000				
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestinal	0.0000				
40		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut	0.0000				
		Hepatisch	0.0000				
		Herz-Blutgefuesse	0.0000				
45		Lunge	0.0000				
		Nebenniere	0.0000				
		Niere	0.0062				
		Placenta	0.0000				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
55		Brust	0.0000				
		Eierstock_n	0.0000				
		Eierstock_t	0.0000				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0000				
60		Gastrointestinal	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0000				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0000				
65		Nerven	0.0000				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Uterus_n	0.0000				

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0810
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0274
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Normkern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS %Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0122
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0130
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0075	0.1701	5.8778
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0059	0.0031	1.9199	0.5209
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35

	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0139
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
45	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
0	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
60	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0090
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0051	4.5763	0.2185
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863	0.3723
10	Endokrines Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0123	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0271	0.0205	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0509	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
25	Uterus Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
30	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0162
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0708

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0026		1.5254	0.6555
	Brust	0.0051		0.0038		1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0120		0.0026		4.6050	0.2172
10	Endokrines_Gewebe	0.0000		0.0000		undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0015		0.0041		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095		0.0000		undef	0.0000
	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0173		0.0117		1.4759	0.6775
	Lunge	0.0021		0.0020		1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0097		0.0000		undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0022		0.0043		0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0068		2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051		0.1908		0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026					
	Zervix	0.0000					
35							
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0139					
40	Gastrointestinal	0.0000					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0249					
45	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
55							
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0122					
60	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0065					
	Hoden	0.0231					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0167					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0281	0.0226	1.2476	0.8015
	Duenndarm	0.0307	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143	1.9446
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0061	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0171	0.0180	0.9518	1.0506
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0139
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0181
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0303
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0476
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0157
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0208

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0556	0.0185	3.0027	0.3330
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0139
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0214	0.0092	2.3199	0.4311
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0085	0.0412	0.2056	4.8640
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0064	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0250			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0518			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0141			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer No rn für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959	0.7716
	Haematopoetisch	0.0107	0.0379	0.2823	3.5422
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0092	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0137	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0153	0.0132	1.1666	0.8572
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0067	0.0123	0.5400	1.8520
	Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0102	0.9145	1.0935
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0180	0.4759	2.1012
	Niere	0.0027	0.0411	0.0661	15.1317
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0149	0.4387	2.2795
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0140			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0082	0.2700	3.7039
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0230	0.4202	2.3799
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0166	0.0019	8.8469	0.1130
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970	2.0121
	Gehirn	0.0118	0.0092	1.2799	0.7813
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0128	0.8530	1.1723
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0139			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0064	0.0113	0.5671	1.7633
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0170	0.0113	1.5054	0.6643
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0331	0.0997	10.0285
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
45	Lunge	0.0181			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0175			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0120			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0089	0.0082	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0429	0.0767	0.5593	1.7879
	Brust	0.0652	0.0320	2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0126	0.1294	0.0971	10.2947
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0607	0.0544	18.3856
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.1224			
	Foetal	0.0093			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0131			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0100	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0476	0.1359	0.3501	2.8560
	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0062	0.0041	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0479	0.0490	0.9791	1.0213
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0178			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

35

FOETUS

	%Haeufigkeit
Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
45	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0124
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
0	Sinnesorgane 0.0000

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0146
60	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0309
	Lunge 0.0164
65	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0544			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0192			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0150	0.5955	1.6794
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0078	0.3838	2.6058
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0163	0.0082	1.9799	0.5051
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0159	0.0137	1.1565	0.8647
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567	1.1673
	Niere	0.0163	0.0068	2.3791	0.4203
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
40	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
65	Nerven	0.0161			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0228			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0115	0.0038	3.0624	0.3265
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.2542	0.1011	9.8931
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121			
	Zervix	0.0213			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.7538
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5		Blase	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust	0.0000	0.0000		undef	undef
		Duenndarm	0.0000	0.0000		undef	undef
		Eierstock	0.0000	0.0000		undef	undef
10		Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000		undef	undef
		Gastrointestinal	0.0000	0.0000		undef	undef
		Gehirn	0.0000	0.0000		undef	undef
		Haematopoetisch	0.0000	0.0000		undef	undef
		Haut	0.0000	0.0000		undef	undef
15		Hepatisch	0.0000	0.0000		undef	undef
		Herz	0.0000	0.0000		undef	undef
		Hoden	0.0000	0.0000		undef	undef
		Lunge	0.0000	0.0000		undef	undef
		Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000		undef	undef
20		Muskel-Skelett	0.0000	0.0000		undef	undef
		Niere	0.0000	0.0000		undef	undef
		Pankreas	0.0000	0.0166		0.0000	undef
		Penis	0.0000	0.0000		undef	undef
		Prostata	0.0000	0.0000		undef	undef
25		Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000		undef	undef
		Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000		undef	undef
		Uterus_allgemein	0.0000	0.0000		undef	undef
		Brust-Hyperplasie	0.0000				
		Prostata-Hyperplasie	0.0000				
30		Samenblase	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				
		Zervix	0.0000				
35		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
		Entwicklung	0.0000				
		Gastrointestenstinal	0.0000				
40		Gehirn	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut	0.0000				
		Hepatisch	0.0000				
		Herz-Blutgefaessee	0.0000				
45		Lunge	0.0000				
		Nebenniere	0.0000				
		Niere	0.0000				
		Placenta	0.0000				
		Prostata	0.0000				
50		Sinnesorgane	0.0000				
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
55		Brust	0.0000				
		Eierstock_n	0.0000				
		Eierstock_t	0.0000				
		Endokrines_Gewebe	0.0000				
		Foetal	0.0000				
60		Gastrointestinal	0.0000				
		Haematopoetisch	0.0000				
		Haut-Muskel	0.0000				
		Hoden	0.0000				
		Lunge	0.0000				
65		Nerven	0.0000				
		Prostata	0.0000				
		Sinnesorgane	0.0000				
		Uterus_n	0.0000				

Elektronischer North für SEQ. ID. NO: 98

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm 0.1410	0.0165	8.5270	0.1173
	Eierstock 0.0060	0.0052	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal 0.1820	0.0093	19.6731	0.0508
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0718	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
40	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
45	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
0	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
60	Gastrointestinal 0.0366
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
65	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenn darm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0130	0.9210	1.0858
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0226	0.3774	2.6500
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0133	0.0113	1.1781	0.8488
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0156	0.0184	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0240	0.7853	1.2735
	Niere	0.0217	0.0274	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0442	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0109	0.0213	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0954	0.2669	3.7471
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0121	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0006	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0082	
65	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointenstinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0094	0.1361	7.3472
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0053	0.0412	0.1285	7.7824
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.1583	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0204	0.7482	1.3366
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
	Gastrointestinal	0.0000	0.0185	0.0000	undef
	Gehirn	0.0185	0.0072	2.5713	0.3889
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0127	0.0137	0.9252	1.0809
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0180	0.0000	undef
	Niere	0.0027	0.0274	0.0991	10.0878
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0111
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0108
	Nebenniere	0.0507
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0121
	Prostata	0.0249
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0231
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0161
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0464
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0056	0.4537	2.2042
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0847	0.0866	11.5419
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0123	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0081	0.0205	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0106	0.4095	2.4423
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0107
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0456
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0093
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
65	Nerven	0.0070
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
	Uterus_n	0.0167

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0399			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0213	0.3071	3.2564
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0163	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0106	0.2047	4.8846
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0044	0.0113	0.3927	2.5464
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0085	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0408			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0089	0.0133	0.6646	1.5047
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0138	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082
	Lunge	0.0145	0.0041	3.5562	0.2812
	Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
40	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0748			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0080			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0026		3.0509	0.3278
	Brust	0.0013		0.0056		0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031		0.0165		0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0090		0.0078		1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085		0.0201		0.4245	2.3555
	Gastrointestinal	0.0019		0.0046		0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0244		0.0092		2.6399	0.3788
	Haematopoetisch	0.0013		0.0379		0.0353	28.3379
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Herz	0.0042		0.0137		0.3084	3.2426
	Hoden	0.0403		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0083		0.0000		undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000		0.0000		undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0054		0.0068		0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000		0.0166		0.0000	undef
	Penis	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0087		0.0085		1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0068		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064					
	Prostata-Hyperplasie	0.0059					
30	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052					
	Zervix	0.0000					
35							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0139					
40	Gehirn	0.0125					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
45	Lunge	0.0108					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0753					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
55	Brust	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0122					
60	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0194					
	Hoden	0.0386					
	Lunge	0.0000					
65	Nerven	0.0221					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0042					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0038	2.0416	0.4898
	Duenndarm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0208	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
	Herz	0.0117	0.0275	0.4240	2.3583
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0143	0.7258	1.3779
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0043	4.0945	0.2442
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
65	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0075	0.9057	1.1042
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0070			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duenndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675	1.3029
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0022	0.0051	0.4320	2.3149
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35

FOETUS
%Haeufigkeit

40

Entwicklung	0.0000
Gastrointestinal	0.0028
Gehirn	0.0000
Haematopoetisch	0.0000
Haut	0.0000
Hepatisch	0.0000
Herz-Blutgefuesse	0.0107
Lunge	0.0036
Nebenniere	0.0000
Niere	0.0000
Placenta	0.0000
Prostata	0.0249
Sinnesorgane	0.0251

50

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55

Brust	0.0136
Eierstock_n	0.1595
Eierstock_t	0.0152
Endokrines_Gewebe	0.0000
Foetal	0.0058
Gastrointestinal	0.0244
Haematopoetisch	0.0171
Haut-Muskel	0.0000
Hoden	0.0000
Lunge	0.0328
Nerven	0.0080
Prostata	0.0274
Sinnesorgane	0.0000
Uterus_n	0.0083

60

65

Elektronischer Northen für SEQ. ID. NO: 118

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0050	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0123	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.1908	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
40	Gehirn	0.0125
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0080
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0205	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
60	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
65	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm 0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis 0.0060	0.0533	0.1123	8.9035
	Prostata 0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
30	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
40	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0036
45	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
55	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0163
60	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0082
65	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0250

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefasse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust	0.0205	0.0075	2.7221	0.3674
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0210	0.0026	8.0588	0.1241
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0125	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0106	0.0137	0.7710	1.2971
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0082	0.8891	1.1248
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0360	0.3331	3.0017
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0118	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0499	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0952	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0064	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0246	
65	Nerven	0.0010	
	Prostata	0.0068	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0125	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0100	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0052	0.0031	1.6799	0.5953
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0085	1.7913	0.5582
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0083
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0309
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0490
	Foetal	0.0017
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0041	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
	Gehirn	0.0063	
40	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
	Lunge	0.0072	
45	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000	
55	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0152	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0017	
	Gastrointestinal	0.0122	
60	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0164	
	Nerven	0.0010	
65	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0042	

Elektronischer No rn für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0038	1.3611	0.7347
	Duenndarm	0.0031	0.0496	0.0618	16.1839
	Eierstock	0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0059	0.0113	0.5236	1.9098
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0041	1.7781	0.5624
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000	undef
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0304	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0052	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0194	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0050	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0167	

Elektronischer Northen für SEQ. ID. NO: 128

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0042	0.0020	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0276	0.0598	16.7142
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0012
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 129

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS
		%Haeufigkeit
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0137	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 131

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0249	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 133

5		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 135

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5		Blase 0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
		Brust 0.0115	0.0094	1.2250	0.8164
		Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
		Eierstock 0.0090	0.0052	1.7269	0.5791
10	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0113	0.3273	3.0557
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0148	0.0275	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0240	0.2142	4.6693
	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0269	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 137

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0012	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0267	0.0000	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0006			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 139

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0125			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 141

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 142

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0090	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0029
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0020
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 143

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0000	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0000	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0000	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0000	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0000	
65	Nerven	0.0000	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 145

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0026	2.3025	0.4343
10	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0301	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0115	0.0139	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0214	0.0288	0.7457	1.3411
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0196	0.0106	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0340	0.2245	4.4553
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0438			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
60	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0060			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0090	0.0075	1.1909	0.8397
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0060	0.0182	0.3289	3.0402
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0074	0.0041	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
	Herz	0.0074	0.0137	0.5397	1.8529
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0128	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.0254
	Niere	0.0185
	Placenta	0.0182
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0204
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0194
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
65	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 147

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0102	1.5254	0.6555
	Brust	0.0153	0.0188	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0096	0.0164	0.5850	1.7095
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0117	0.0137	0.8481	1.1791
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0102	1.2193	0.8202
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0460	0.2101	4.7599
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0213			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0250			
40	Gehirn	0.0313			
	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0099			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0090			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0082	0.1800	5.5559
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0102	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0411	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 149

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0507	0.0256	1.9831	0.5043
	Brust	0.0281	0.0263	1.0694	0.9351
	Duenndarm	0.0368	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0300	0.0104	2.8781	0.3474
10	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0100	1.5283	0.6543
	Gastrointestinal	0.0115	0.0278	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0192	0.0359	0.5348	1.8698
	Haematopoetisch	0.0321	0.0379	0.8469	1.1807
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0350	0.0962	0.3635	2.7513
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0291	0.0245	1.1854	0.8436
	Magen-Speiseroehre	0.0387	0.0690	0.5602	1.7850
20	Muskel-Skelett	0.0343	0.0600	0.5711	1.7510
	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0050	0.0994	0.0499	20.0570
	Penis	0.0269	0.0800	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0174	0.0149	1.1699	0.8548
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0068	6.7336	0.1485
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0468			
	Zervix	0.0319			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0278	
	Gastrointestinal	0.0333	
40	Gehirn	0.0375	
	Haematopoetisch	0.0236	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
45	Lunge	0.0397	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0247	
	Placenta	0.0727	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0476	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0076	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0114	
	Haut-Muskel	0.0259	
	Hoden	0.0309	
	Lunge	0.0164	
65	Nerven	0.0120	
	Prostata	0.0137	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0375	

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0038	0.0075	0.5104	1.9593
	Duenndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0130	0.4605	2.1715
10	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0086	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0166	0.0997	10.0285
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0063
	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
45	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0203
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
60	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0246
65	Nerven	0.0050
	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 151

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0546	0.0281	1.9415	0.5151
	Brust	0.0550	0.0263	2.0902	0.4784
	Duennndarm	0.0368	0.0331	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0329	0.0338	0.9741	1.0265
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
	Gastrointestinal	0.0536	0.0139	3.8656	0.2587
	Gehirn	0.0222	0.0308	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0808	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
	Herz	0.0286	0.0275	1.0408	0.9608
	Hoden	0.0288	0.0351	0.8200	1.2196
	Lunge	0.0395	0.0164	2.4132	0.4144
	Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0077	11.3448	0.0881
20	Muskel-Skelett	0.0531	0.0420	1.2646	0.7908
	Niere	0.0244	0.0548	0.4461	2.2417
	Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496	6.6857
	Penis	0.0569	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0283	0.0255	1.1089	0.9018
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0764	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0799			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
30	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0958			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0194	
40	Gehirn	0.0000	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0107	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0254	
	Niere	0.0062	
	Placenta	0.0242	
	Prostata	0.0000	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0136	
	Eierstock_n	0.3190	
	Eierstock_t	0.0051	
	Endokrines_Gewebe	0.0245	
	Foetal	0.0111	
60	Gastrointestinal	0.0244	
	Haematopoetisch	0.0057	
	Haut-Muskel	0.0032	
	Hoden	0.0000	
	Lunge	0.0328	
65	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0479	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0208	

Elektronischer Normen für SEQ. ID. NO: 152

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0051	1.5254	0.6555
	Brust	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919	5.2117
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0021	1.7999	0.5556
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0041	0.7621	1.3122
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
45	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
50	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
65	Nerven	0.0100			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 153

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0690	0.2825	3.5400
	Brust	0.0179	0.0320	0.5604	1.7843
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0150	0.0130	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0100	0.8491	1.1778
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0081	0.0442	0.1842	5.4296
	Haematopoetisch	0.0187	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0238	0.0194	1.2255	0.8160
	Herz	0.0625	0.1649	0.3791	2.6381
	Hoden	0.0403	0.0117	3.4438	0.2904
	Lunge	0.0343	0.0286	1.1975	0.8351
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0668	0.1200	0.5568	1.7959
	Niere	0.0190	0.0342	0.5551	1.8014
	Pankreas	0.0050	0.1160	0.0427	23.3998
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0170	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
45	Lunge	0.0325			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0494			
	Placenta	0.0909			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0309			
60	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0030			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0230	0.6780	1.4750
	Brust	0.0256	0.0263	0.9722	1.0286
	Duennndarm	0.0184	0.0331	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0150	0.0208	0.7195	1.3898
10	Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0176	1.3585	0.7361
	Gastrointestinal	0.0268	0.0185	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0126	0.0205	0.6120	1.6341
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0085	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0123	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151	3.1733
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0000	0.0497	0.0000	undef
	Penis	0.0180	0.0267	0.6739	1.4839
	Prostata	0.0196	0.0277	0.7087	1.4111
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0509	0.0954	0.5337	1.8736
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
30	Samenblase	0.0267			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0319			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1772			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
65	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 155

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0019	2.0416	0.4898
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0075	0.2264	4.4166
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0051	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0204
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
60	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
65	Nerven	0.0040
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0000

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0102	1.9068	0.5244
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0208	0.2878	3.4745
10	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0096	0.0051	1.8719	0.5342
	Haematopoetisch	0.0053	0.0758	0.0706	14.1689
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0127	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0104	0.0123	0.8467	1.1810
	Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0087	0.0085	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0156			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0056
40	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
45	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0253
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
60	Gastrointestinal	0.0488
	Haematopoetisch	0.0171
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0328
65	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 157

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0156	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0103	0.0164	0.6300	1.5874
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0497	0.0665	15.0427
	Penis	0.0060	0.0800	0.0749	13.3552
	Prostata	0.0065	0.0043	1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0106			

35		FOETUS	
		%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000	
	Gastrointestinal	0.0028	
40	Gehirn	0.0188	
	Haematopoetisch	0.0079	
	Haut	0.0000	
	Hepatisch	0.0000	
	Herz-Blutgefuesse	0.0000	
45	Lunge	0.0108	
	Nebenniere	0.0000	
	Niere	0.0000	
	Placenta	0.0061	
	Prostata	0.0249	
50	Sinnesorgane	0.0000	

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
		%Haeufigkeit	
55	Brust	0.0000	
	Eierstock_n	0.0000	
	Eierstock_t	0.0203	
	Endokrines_Gewebe	0.0000	
	Foetal	0.0000	
60	Gastrointestinal	0.0122	
	Haematopoetisch	0.0000	
	Haut-Muskel	0.0065	
	Hoden	0.0154	
	Lunge	0.0164	
65	Nerven	0.0030	
	Prostata	0.0000	
	Sinnesorgane	0.0000	
	Uterus_n	0.0000	

70

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit höher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe gefunden werden.

5 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	98.78	Human DNA sequence from PAC 296K21 on chromosome X	271	1202	s. Spalte Funktion
2	98.78	Caenorhabditis elegans cosmid W04D2	201	1072	
3	99.72	Mus musculus chromaffin granule ATPase II	316	1468	
4	99.72	H.sapiens (xs85) mRNA Homolog	196	2331	
5		M.musculus mRNA for non-histone chromosomal high-mobility group 1 protein	239	1925	
6	95.96	H.sapiens mRNA for protein containing MBD 1; Methyl-CpG binding protein, Homolog	330	1368	
7	98.78	O.sativa mRNA for leucine rich repeat receptor-like kinase	176	424	
8	98.78	Xenopus laevis cement gland-specific (XAG-2) mRNA	295	1020	
9		B.taurus mRNA for epsilon-COP	94	718	
10	95.96	B.taurus mRNA for coatomer.	255	1202	
11	95.96	Rat mRNA for plectin	190	1610	
12	95.96	X.laevis mRNA for an ATP dependent RNA helicase	213	2155	D5S498-D5S408 (184-195 cM)
13	95.96	unbekannt	259	1743	D8S277-D8S503 (8-15 cM)
14	95.96	unbekannt	249	970	D9S1818-D9S158 (151-163 cM)
15	98.78	Mouse hexamer repeat sequence (m34) homologous to Drosophila 'period' gene.	242	2003	
16	98.85	Yeast mitochondrial aap1 gene for ATPase subunit 8	340	2279	
17	98.85	unbekannt	199	761	
18	98.78	unbekannt	174	1403	
19	99.72	unbekannt	196	1702	
20	99.72	unbekannt	185	802	
21	98.78	unbekannt	162	1647	
22	99.72	unbekannt	182	1170	
23	98.78	unbekannt	214	1259	
24	98.78	unbekannt	205	1021	
25	98.78	unbekannt	220	1407	
26	98.78	unbekannt	187	286	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
27	98.85	unbekannt	181	815	D11S913- D11S1337 (70-72 cM)
28	99.92	unbekannt	126	548	
29	98.78	unbekannt	188	493	
30	99.72	unbekannt	206	1063	D7S636-D7S637 (165-175 cM)
31	98.78	unbekannt	197	472	
32	99.98	unbekannt	219	2568	
33	98.78	unbekannt	207	239	
34	98.78	unbekannt	201	482	
35	98.78	unbekannt	205	641	
36	99.72	unbekannt	202	381	
37	98.78	Mus musculus NIK	295	1539	
38	98.78	unbekannt	256	2195	
39	98.78	Mus musculus SRG3	444	1409	
40	98.78	Rattus norvegicus Nedd2/ich-1	201	1084	
41	98.85	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	207	2860	s. Spalte Funktion
42	98.78	Human Fas-ligand associated factor 3 Homolog	169	2137	
43		Mus musculus SH3-containing protein SH3P7	377	2410	
44	98.78	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	175	2333	
45	95.96	Cricetulus griseus arsenite-resistance protein (ars2)	223	1612	7q22
46	98.78	Caenorhabditis elegans cosmid T03G11	187	1106	
47	95.96	unbekannt	191	1370	
48	98.78	Human cyclin C (CCNC) Homolog	187	617	
49	98.85	Aplysia californica vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein mRNA	271	1899	D20S120- D20S173 (82-96 cM)
50	98.78	Human prepromulimerin mRNA Homolog	174	1398	
51	98.78	Human (c-myb) gene Homolog	262	1340	
52	98.78	Human fructose-1,6-biphosphatase (FBP1) gene Homolog	210	315	
53	99.94	Rattus norvegicus clone C426 intestinal epithelium proliferating cell- associated mRNA	246	1162	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
54	98.85	Human paxillin Homolog	195	1826	
55	99.72	Human clone A9A2BRB7	110	1114	
56	99.92	Transmembrane secretory component	209	1644	D1S456- D1S2891 (224- 228 cM)
57	95.96	Mus sp. H beta 58=essential for embryogenesis	323	2184	
58	99.72	Rat mRNA for TIP49	253	1510	
59	98.85	Rat brain mRNA for annexin V-binding protein	244	1188	
60	99.99	Rat agrin mRNA, complete cds	247	2208	
61	98.85	P.trogodytes triose-phosphate isomerase	248	283	
62	99.99	unbekannt	182	184	
63	99.72	Mus musculus polymerase I-transcript release factor	114	1780	WI-30365 nicht gefunden
64	95.96	Mouse clathrin-associated protein 19 (AP19)	203	1652	
65	98.78	Human ras inhibitor Homolog	202	1085	
66	98.78	unbekannt	254	1393	
67	95.96	Homo sapiens (clone exon trap b279) chromosome 16p13.3	205	1248	s. Spalte Funktion
68	98.78	Human transformation-related protein, Homolog	206	1099	
69	98.78	unbekannt	313	774	
70	98.78	unbekannt	315	426	
71	99.72	unbekannt	292	1417	
72	95.96	unbekannt	293	691	
73	98.78	unbekannt	352	1705	
74	98.78	unbekannt	201	1516	
75	98.78	unbekannt	197	1490	
76	98.78	unbekannt	273	2513	D10S198- D10S192 (129- 131 cM)
77	98.78	unbekannt	247	1962	D5S396- D5S2119 (141- 143 cM)
78	98.78	unbekannt	221	788	
79	98.78	unbekannt	299	299	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
80	98.85	Mouse cell surface antigen 114/A10	383	2263	D3S1267-D3S1269 (141-142 cM)
81	99.69	Human DNA sequence from PAC 148E22 on chromosome 20q12-q13.12	265	1284	s. Spalte Funktion
82	95.96	unbekannt	203	1335	
83	95.96	unbekannt	259	1890	D8S263-D8S284 (140-142 cM)
84	99.72	unbekannt	276	1829	
85	99.99	unbekannt	252	2358	
86	98.78	Bos taurus mRNA for synaptotagmin	344	1646	
87	95.96	Yeast DNA for pre-mRNA splicing factor	238	3096	
88	99.73	Mouse seizure-related mRNA	192	1906	
89	98.78	Human mRNA for dihydropyrimidinase related protein-2	151	545	
90	98.78	Human KIP2 gene for Cdk-inhibitor p57KIP2 Homolog	220	349	
91	100	Mouse SDF5 mRNA	359	2142	
92	95.96	Pig mRNA for carbonyl reductase	237	1111	D17S784, n.r. (117 cM)
93	95.96	Caenorhabditis elegans Similar to mitochondrial RNA splicing MSR4 like protein	210	657	
94	99.98	Caenorhabditis elegans Protein predicted using Genefinder	244	863	
95	98.78	Caenorhabditis elegans cosmid C39H7	251	1015	
96	95.96	Caenorhabditis elegans Contains two C2-like domains	249	2532	
97	98.78	unbekannt	125	125	
98	100	BRCA2 gene for insertion sequence,	246	776	
99	99.98	Bovine mRNA for mitochondrial ATP synthase	280	629	
100	95.96	unbekannt	243	757	
101	95.96	Arabidopsis thaliana BAC TM021B04	262	1262	
102	98.85	Human DNA sequence from clone 453C12	193	1281	
103	98.78	Human DNA sequence from clone 5O6	218	716	
104	98.78	Mus musculus MRJ (Mrj)	274	1160	
105	95.96	Homo sapiens Tax interaction protein 33, Homolog	194	1040	
106	98.78	unbekannt	324	1336	
107	99.92	unbekannt	262	812	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs- EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
108	95.96	unbekannt	196	2681	
109	98.78	Homo sapiens NHE3 kinase A regulatory protein E3KARP, Homolog	143	1407	
110	95.96	Mus musculus unknown mRNA	272	1376	D6S273- D6S1666 (44-45 cM)
111	99.72	Homo sapiens cosmids IM0525, LC1233, Qc3C1, LB1439, Qc12C11 and 220B3 from Xq28	247	854	s. Spalte Funktion
112	98.78	Mus musculus 9ORF binding protein 1 (9BP-1)	225	1681	
113	99.69	Homo sapiens Chromosome 11q12 pac pDJ606g6	200	852	s. Spalte Funktion
114	98.78	Homo sapiens Chromosome 22q11.2 BAC Clone 357f7	204	1739	D16S515- D16S518 (90-92 cM)
115	95.96	Homo sapiens chromosome 17	204	805	s. Spalte Funktion
116	98.78	unbekannt	255	1483	
117	98.85	Homo sapiens (subclone 2_b3 from P1 H66) DNA	258	1347	D17S797- D17S788 (69-72 cM)
118	98.78	Human Chromosome 3 pac pDJ70i11	181	1683	s. Spalte Funktion
119	99.72	unbekannt	250	1355	D11S1357- D11S1765 (62-65 cM)
120	98.78	unbekannt	272	1816	
121	99.99	unbekannt	184	184	
122	98.78	unbekannt	108	251	
123	99.69	unbekannt	187	740	D19S219- D19S418 (69-97 cM)
124	98.78	PAC 1118122 from chromosome 11	245	1493	s. Spalte Funktion
125	98.78	unbekannt	250	250	
126	98.78	unbekannt	182	1202	
127	98.78	unbekannt	244	1014	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe	Funktion	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomale Lokalisation
128	99.69	unbekannt	194	1171	
129	98.78	unbekannt	183	353	
130	98.78	unbekannt	205	205	
131	98.78	unbekannt	185	211	
132	98.78	unbekannt	238	867	
133	98.78	unbekannt	257	257	
134	98.78	unbekannt	127	204	
135	98.78	unbekannt	201	245	
136	98.78	unbekannt	225	1637	D5S470-D5S410 (152-156 cM)
137	98.78	unbekannt	260	260	
138	98.78	unbekannt	181	957	
139	98.78	unbekannt	230	760	
140	98.78	unbekannt	258	280	
141	98.78	unbekannt	251	251	
142	99.72	unbekannt	189	461	
143	98.78	unbekannt	236	436	
144	98.78	unbekannt	196	287	
145	99.92	Homo sapiens mRNA for putatively prenylated protein	223	555	
146	95.96	H.sapiens mRNA for TFG protein	195	1790	
147	99.92	H.sapiens MLN50 mRNA	220	2357	
148	99.72	Human HLA-F gene for human leukocyte antigen F	196	907	
149	100	Human mRNA for G(i) protein alpha-subunit (adenylate cyclase inhibiting GTP-binding protein)	68	1987	
150	95.96	Human NAD+-specific isocitrate dehydrogenase	196	1563	
151		Human novel protein AHNAK mRNA, partial sequence; 100% match	261	2906	
152	98.78	Human retinoblastoma susceptibility gene	250	1032	
153	100	Human hPGL mRNA encoding bone small proteoglycan I	202	2367	
154	100	Human Mac-2 binding protein	268	1314	
155	98.78	Human transcriptional activator (BRG1) mRNA	204	965	D19S221-D19S226 (35-41 cM)
156	98.85	Homo sapiens heterogeneous nuclear ribonucleoprotein	266	3101	
157	99.99	H.sapiens mRNA for NC2 alpha subunit	246	983	

TABELLE II

DNA-Sequenzen
Sequenz ID. No.

Peptid-Sequenzen (ORF's)
Sequenz ID. No.

1	158
	159
	160
2	161
	162
	163
3	164
	165
	166
4	167
	168
	169
5	170
	171
	172
6	173
	174
	175
7	176
	177
	178
8	179
	180
	181
9	182
	183
	184
10	185
	186
	187
11	188
	189
	190

DNA-Sequenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
12	191
	192
	193
13	194
	195
	196
14	197
	198
	199
15	200
	201
	202
16	203
	204
	205
17	206
	207
	208
18	209
	210
	211
19	212
	213
	214
20	215
	216
	217
21	218
	219
	220
22	221
	222
	223
23	224
	225
	226

DNA-S quenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
24	227
	228
	229
25	230
	231
	232
26	233
	234
	235
27	236
	237
	238
28	239
	240
	241
29	242
	243
	244
30	245
	246
	247
31	248
	249
	250
32	251
	252
	253
33	254
	255
	256
34	257
	258
	259
35	260
	261
	262

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
36	263
	264
	265
37	266
	267
	268
38	269
	270
	271
39	272
	273
	274
40	275
	276
	277
	278
41	279
	280
	281
42	282
	283
	284
43	285
	286
	287
44	288
	289
	290
45	291
	292
	293
46	294
	295
	296
47	297
	298

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	299
48	300
	301
	302
49	303
	304
	305
50	306
	307
	308
51	309
	310
	311
52	312
	313
	314
53	315
	316
	317
54	318
	319
	320
55	321
	322
	323
56	324
	325
	326
	327
57	328
	329
58	330
	331
	332
59	333
	334

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
59	335
60	336
	337
	338
61	339
	340
	341
62	342
	343
	344
63	345
	346
	347
64	348
	349
	350
65	351
	352
	353
66	354
	355
	356
67	357
	358
	359
68	360
	361
	362
69	363
	364
	365
70	366
	367
	368
71	369
	370

DNA-Sequenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) S q. ID. No.
	371
72	372
	373
	374
73	375
	376
	377
74	378
	379
	380
75	381
	382
	383
76	384
	385
	386
77	387
	388
	389
78	390
	391
	392
79	393
	394
	395
80	396
	397
	398
81	399
	400
	401
82	402
	403
	404
83	405
	406

DNA-Sequenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
83	407
84	408
	409
	410
85	411
	412
	413
86	414
	415
	416
87	417
	418
	419
88	420
	421
	422
89	423
	424
	425
90	426
	427
	428
	429
91	430
	431
	432
92	433
	434
	435
93	436
	437
	438
94	439
	440
	441
95	442

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
95	443
	444
96	445
	446
	447
97	448
	449
	450
98	451
	452
	453
	454
99	455
	456
	457
100	458
	459
	460
101	461
	462
	463
102	464
	465
	466
103	467
	468
	469
104	470
	471
	472
105	473
	474
	475
106	476
	477
	478

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
107	479
	480
	481
108	482
	483
	484
109	485
	486
	487
110	488
	489
	490
111	491
	492
	493
112	494
	495
	496
113	497
	498
	499
	500
114	501
	502
	503
115	504
	505
	506
116	507
	508
	509
117	510
	511
	512
118	513
	514

DNA-Sequenzen S q. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
118	515
119	516
	517
	518
120	519
	520
	521
121	522
	523
	524
122	525
	526
	527
123	528
	529
	530
124	531
	532
	533
125	534
	535
	536
126	537
	538
	539
127	540
	541
	542
128	543
	544
	545
129	546
	547
	548
130	549
	550

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
130	551
131	552
	553
	554
132	555
	556
	557
133	558
	559
	560
134	561
	562
	563
135	564
	565
	566
136	567
	568
	569
137	570
	571
	572
138	573
	574
	575
139	576
	577
	578
	579
	580
	581
140	582
	583
	584
141	585
	586

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Protein-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
141	587
142	588
	589
	590
143	591
	592
	593
144	594
	595
	596

Die erfinderischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 158-596 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Pankreastumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 596

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

25  cttcatcgat agctaccgct gcttccaacc aaagcaggag ggggccttca cctgctggtc 60
    agcagtcact ggcgcccgcc atctcaacta tggctcccgg cttgactata ccctggggga 120
    caggaccctg gtcatagaca cctttcaggc ctctttcctg ctgcctgagg tgatgggctc 180
    tgaccactgc cctgtgggtg cagtcttgag tgtgtcctct gtgcctgcaa aacagtgcc 240
    acctctgtgc acccgcttcc tcctgagtt tgcaggcacc cagctcaaga tccttcgctt 300
30  cctagttcct ctogaacaaa gtcctgtgtt ggagcagtcg acgctgcagc acaacaatca 360
    aaccgggta cagacatgcc aaaacaaagc ccaagtgcgc tcaaccaggc ctcagcccag 420
    tcaggttggc tctagcagag gccagaaaaa cctgaagagc tactttcagc cctcccctag 480
    ctgtcccaaa gcctctcctg acatagagct gcctagccta ccactgatga gcgcctcat 540
    gaccccgaa actccagaag agaaggcagt ggccaaagtg gtgaaggggc aggccaagac 600
35  ttcagaagcc aaagatgaga aggagttacg gacctcattc tgggaagtctg tgctggcggg 660
    gcccttgccg acacccctct gtgggggcca caggagacca tgtgtgatgc gtactgtgaa 720
    gaagccagga cccaacttgg gccgcgcgtt ctacatgtgt gccaggcccc ggggtcctcc 780
    cactgacccc tcctcccggg gcaattcttc ctctggagca ggcccagctg aaccaatgga 840
    ggccctggga catctggcat ggtcacccct gcacatgatc tgaggccagc tccccttccc 900
40  tgagctgcct cctgcttctc cctcaaagtc tctaaccctt ctcttcctct ttaagccct 960
    ctcttcctcg ctttccctcc tacctagctc cttgttggtg agcttcttgt gccttaatcc1020
    tgtgacccag ccccttacac cactttccac cttcctgtcc gaagtacacg gacactagct1080
    gccccaggaa gttgtgtgat tttaaatcac ttctgtcttt gctggaaagt gtatttgtgc1140
    ataaataaag tctgtgtatt tgtttcaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagga ggtttgaagg1200
45  gg                                     1202
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1072 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

15 Name: 1516420 Len: 1072 Check: 24F2
 cctccatcag ctgcgcgcgc agcggctgta tttgcggcct gtgcgagtag gcgcttgggc 60
 actcagtctc cctggcgagc gacgggcaga aatctcgaac cagtggagcg cactcgtaac 120
 ctggatccca gaaggtcgcg aaggcagtac cgtttcctca gcggcggact gctgcagtaa 180
 gaatgtcttt tccacctcat ttgaatcgcc ctcccatggg aatcccagca ctcccaccag 240
 ggatcccacc ccgcgagttt ccaggatttc ctccacctgt acctccaggg accccaatga 300
 ttccgtgtacc aatgagcatt atggctcctg ctccaactgt cttagtaccc actgtgtcta 360
 tggttggaaa gcatttgggc gcaagaaagg atcatccagg cttaaaggct aaagaaaatg 420
 atgaaaattg tggctctact accactgttt ttgttggcaa catttccgag aaagcttcag 480
 acatgcttat aagacaactc ttagctaaat gtggtttggt tttagctgg aagagagtac 540
 25 aaggtgcttc cggaaagctt caagccttcg gattctgtga gtacaaggag ccagaatcta 600
 ccctccgtgc actcagatta ttacatgacc tgcaaattgg agagaaaaag ctactcgtaa 660
 aagttgatgc aaagacaaag gcacagctgg atgaatggaa agcaaagaag aaagcttcta 720
 atgggaatgc aaggccagaa actgtcacta atgacgatga agaagccttg gatgaagaaa 780
 caaagaggag agatcagatg attaaagggg ctattgaagt tttaattcgt gaatactcca 840
 30 gtgagctaaa tgccccctca caggaatctg attctcacc ccaggaagaa gaagaaggaa 900
 aagaaggagg acatttttccg cagattttcca gtggccccac tgatccctta tccactcatc 960
 actaaggagg atataaatgc tatagaaatg gaagaagaca aaagagacct gatatctcga 1020
 gagatcagca aattcagaga cacacataag aaactggaag aagagaaagg ca 1072

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1468 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3

5 gcacgaggta ttatgctgtc gtatggctcc actgcagaaa gcaaaagtaa taagactaat 60
 aaaaatatca cctgagaaac ctataacatt ggctgttggg gatggtgcta atgacgtaag 120
 catgatacag gaggcccatg ttggcatagg aatcatgggt aaagaaggaa gacaggctgc 180
 aagaaacagt gactatgcaa tagccagatt taagtctctc tccaaattgc tttttgttca 240
 tggctcatttt tattatatta gaatagctac cctgttacag tatttttttt ataagaatgt 300
 gtgctttatc acaccccgat ttttatatca gttctactgt ttgttttctc agcaaacatt 360
 10 gtatgacagc gtgtacctga ctttatataa tatttgtttt acttcctac ctattctgat 420
 atatagtctt ttggaacagc atgtagacct tcatgtgtta caaaataagc ccacccttta 480
 tctgagacatt agtaaaaacc gcctcttaag tattaataca tttctttatt ggaccatcct 540
 gggcttcagt catgccttta tttctttttt tggatcctat ttactaatag ggaaagatac 600
 atctctgctt ggaaatggcc agatgtttgg aaactggaca tttggcactt tggctctcac 660
 agtcatgggtt attacagtca caataaagat ggctctggaa actcattttt ggacttggat 720
 15 caaccatctc gttacctggg gatctattat attttatttt gtattttcct tgttttatgg 780
 agggattctc tggccatttt tgggctccca gaatatgtat tttgtgttta ttcagctcct 840
 gtcaagtggg tctgcttggg ttgccataat cctcatgggt gttacatgtc tatttcttga 900
 tatcataaag aaggtctttg accgacacct ccaccctaca agtactgaaa aggcacagat 960
 gtactccaac acagtgtgct taagtgcga gttcatcgca ctgcagccat tgtcaggggc 1020
 20 aaggaatcag ctgagcaaac ttagcttact gaaacaaatg caggatatcaa gtgcttggac 1080
 tccatgtgct gtttcccgga aggagaagca gcgtgtgcat ctggttgaag aatgctggaal 1140
 cgagttatag gaagatgtag tccaaccac atcagcaggt gtgaaatctc tctaagtagc 1200
 ctttgtctga gatgagtatc ctatctggaa caggatgaac ctgccgctct agatacctaal 1260
 taaatcagca gctgggttta ccaactgaag caggaagtct gctattttatt agcactctttl 1320
 25 ggtggtagat ttcactttgt ggctttgggg taagggtttt ttcactcaca aaggaagaga 1380
 aagcaccttt gaagagactt catctaata acaaaaaatt ttgtttcata atctttctaal 1440
 aatgggctca gtaggagtgg gtgtatgg 1468

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2331 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

55 cggctcgaga aaggacctct cccttttcag atgcctggca tgaggcttcc agaaaccag 60
 gttcttccag gagaaataga tgagactcct ctttccaagc caggacatga ccttgccagc 120
 atggaggata aaacagagaa atggtcttcc cagcctgaag gtccacttaa attgaaagct 180
 tcaagtactg atatgccatc ccagatttct gtggttaatg tggatcaact gtgggaagat 240
 tctgtcctaa ctgtcaaatt ccccaaatta atggtaccaa ggttctcctt ccctgcccc 300
 agctcagagg atgatgtgtt catccccact gtgagggagg tgcagtgtcc agaggccaat 360

```

attgatacag ccctt      a ggaaagtcg gggctctggg gagcc      t cctgaaggca 420
ggtgctgggg tccctgggga gcagcctgtg gaccttaacc tgcctttgga agtccccca 480
atttcaaagg tcagagtga tattcagggt gctcagggtg aaagtcaaga ggtcactata 540
cacagcatag tgacaccaga gtttgtagat ctctcagtag ccaggacttt ttccactcag 600
5 attgtgcggg aatcagagat ccccacgtca gagattcaaa caccttcgta cggattttcc 660
ttattaaaag tgaaaatccc agagccccac acgcaggcta gagtgtacac aacaatgact 720
caacactcta ggactcagga gggcacagaa gaggtcccca tacaagccac cccaggagta 780
gactccattt ctggagatct ccagcctgac actggagaac catttgagat gatctcttcc 840
agcgtcaatg tactgggaca gcaaacactc acatttgaag ttcttctctg ccaccagctt 900
10 gcagacagct gttcagatga ggagccagca gaaattcttg agtttcccc tgatgatagc 960
caagaggcaa ccacaccact ggcagatgaa ggcagggtc caaaagacaa accagaaagt1020
aaaaaatctg gtctgctctg gttttggctt ccaaacattg ggttttcctc ttctgttgat1080
gagacagggtg ttgattccaa aatgacgtc cagagatctg ctcccattca aacacagcct1140
gaggcacgac cagaggcaga actgcctaaa aaacaggaga aggcaggctg gttccgattt1200
15 cccaaattag ggttctctc atctcctacc aagaaaagca aaagcaccga agatggggca1260
gagctggaag aacaaaaact tcaagaagaa acaatcacgt tttttgatgc ccgagaaagt1320
ttctccctg aagagaagga agagggtgaa ctgatcgggc ctgtgggcac tgggctggac1380
tccagagtga tggtgacatc cgcggcaaga acagagttaa tcctgcccga gcaggacaga1440
aaagctgacg atgaaagcaa agggtcaggc ctgggaccaa atgaaggctg agaggatatg1500
20 ctcatcagta caagagagat gcaaaaaact aagttgaaa gtaaaggcta cacacacata1560
tgagacaccc catcccacag cacattacat ccacctcact tcacagaacg gagaacagag1620
cagaaatgac cagaacacct ttgtcaccat cacacagccc tcctaaaatg gaaccaaagc1680
ttcccagctc cctcaaagct ttggatgcaa agaaggcacc ctgacttcca caagacacca1740
gaattcacac ggtactcaga ggcactgctg gggagtttg ttggtcttta ttagataaat1800
ttccagagac ctgtccataa taccacacag aacatgactg tttctttgag gaaagggta1860
taatgtctgt ggtgtacaag togttttttg tataacttct ttcctgctgc tgctgcttcc1920
cggcaaacat agttttccta tttcaggcag agtgcggtat attccaggaa aactgtttc1980
ctactcactt agcttacttc tttgttgaat gcctcactaa tggcaagttt caagatgttt2040
tggttgacaa tgcacacatg ctgggcaaaa gggatgatggc cagtggctgg cagctgggccc2100
30 agcagaagct aggacatctg tgagttgtca ttctcatcta tccatgtcca ctggcctgcc2160
agcatccgcc agtgcccttg cagtgtgcac ggtcccacac tgtggccctt gagtccctta2220
atgtacacgc tgcagccaga atgcagatgg agctggcttg gctgttcctt ggatgggcaa2280
taaagaaagt gctgcatccc aaaaaaaaaa aaaaagtaaa aaaaaaaagg g 2331

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1925 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- 40 (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:5

```

aataaaaaaa attgtattta cttagaagca ttcagaatgt caacaaaaca gccgcaattt 60
tttttttgca attacagagt ggtattcagt taacagaaca acaattatct tcgtataagc 120
tgcacagag acaactgaag atgaaaaaaa taaaacccaa aaagaaaacc aaaagaaaaa 180
aaaaaaaaaa acaaaaaaca aaactaccat ccccatatat aactaatttg tgctgtgcac 240
5 caacaagaac ctgcttttaa tttccatgcc aatttacaac ccccatactg taccaggcaa 300
gggttagtggc tattgaaaat accaccagga cagggtatc taaagacaca ttcggtagt 360
tggttaactat acaaaaaaag acactgtaca gtttaaaaac aaatcttaca cagccttaca 420
tttcaatttt tttcttttaa aggagtgaat tgtgtacagg ggggttaa at gctttataga 480
caagaaaaaa aaaactgcgc tagaaccaac ttattcatca tcatcatctt cttcttcac 540
10 ttcattcttct tcatcttctt cctctctctc atcctcttca tcttctctcat cttctctctc 600
ttctctcttt ttcttgcttt tttcagcctt gacaactccc ttttttgctg catcaggctt 660
tccttttagct cgatatgcag caatatcctt ttcgtatttt tccttcactt cgcagccttc 720
ttttcataag gctgcttgtc atctgcagca gtgttattcc acatctctcc cagtttcttc 780
gcaacatcac caatggacag gccaggatgt tctcctttga tttttgggag atactcagag 840
15 cagaagagga agaaggccga aggaggcctc ttgggtgcat tgggatcctt gaacttcttt 900
tttgtctccc ctttgggagg gatataggtt ttcatttctc tttcataacg ggccttgctc 960
gcttttgcca tatcttcaaa ttttcctttc tctttagcag acatgggtct ccacctctct 1020
gagcacttct tagaaaaactc tgagaagtgt actgaagcat ctgggtgctt cttcttatgc 1080
tcctcccgcac aagtttgacac aaaaaatgca tatgatgaca ttttgctctc cggcttctta 1140
20 ggatctcctt tgcccatgtt tagttatttt tctaaaaaat aaaataaata tttgatgtta 1200
gcaataaaat tatgacatat aagaccttaa agtacttagt aagggaatga aaaccaaagt 1260
actggttatt taacacagta gcgacatcaa cctccgtaaa atcagacaag aatatggccg 1320
agagattaaa ttcttgaag gggctatgcc aagcaaacaa aacaaaacaa aaacagtcct 1380
tcagggcgat ctcaaaaagt ctagacacaa agatataccc atacagtatt ccctatctat 1440
ccgcccagat ctgctctgaa tgagtatcta actggtcact taaacgattt taaaatctag 1500
aacaccattt taaaccaacc aaaccaaagg tcagaaaaca tgctgccaat tcgtggcttt 1560
gcactagata ggggaataaac aagggcctaa cggagtcgac tcttccta at tatgggacct 1620
taaaaaaaaa aatcacctgt caccgaaagt ttcaaaaac accctctttg cataaaactt 1680
tgctccaaag agggagcagc agccagctcc ggtgctcgga acccggttg gagggtgc 1740
30 gccaccgcga ggcagcctcg tttcctatcg gtttggccct gagatgtatt tctgttctga 1800
ctaaacacgt ccggtctgaa gtttctccga gtaacaagg atgagggaca aaagccactc 1860
ctgctcgtgg ctcggtggcc cctccccc aactcggaag tatttttttg agccgtcaaa 1920
gttgg 1925

```

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 40 (A) LÄNGE: 1368 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- 50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

```

gtcgggggagc gcggggggagg ggcccagggg accccggggcc acggaggagg ggaagaggat 60
ggattgccccg gccctccccc cgggatggaa gaaggaggaa gtgatccgaa aatctgggct 120
aagtgtctggc aagagcgatg tctactactt cagtccaagt ggtaagaagt tcagaagcaa 180
gcctcagttg gcaagggtacc tgggaaatac tgttgatctc agcagttttg acttcagaac 240
5 tggaaagatg atgcctagta aattacagaa gaacaaacag agactgcgaa acgatcctct 300
caatcaaaaat aagggtaaac cagacttgaa tacaacattg ccaattagac aaacagcctc 360
aatttttcaaa caaccggtaa ccaaagtcac aaatcatcct agtaataaag tgaaatcaga 420
cccacaacga atgaatgaac agccacgtca gctttttctgg gagaagaggc tacaaggact 480
tagtgcataca gatgtaacag aacaaattat aaaaaccatg gaactaccca aaggtcttca 540
10 aggagttggg ccaggtagca atgatgagac cctttttatct gctgttgcca gtgctttgca 600
cacaagctct ggcgcaatca cagggcaagt ctccgctgct gtggaaaaga accctgctgt 660
ttggcttaac acatctcaac cctcttgcaa agctttttatt gtcacagatg aagacatcag 720
gaaacaggaa gagcgagtac agcaagtacg caagaaattg gaagaagcac tgatggcaga 780
catcttgtcg cgagctgctg atacagaaga gatggatatt gaaatggaca gtggagatga 840
15 agcctaagaa tatgatcagg taacttttca cgcactttcc ccaagagaaa attcctagaa 900
attgaacaaa aatgtttcca ctggcttttg cctgtaagaa aaaaaatgta cccgagcaca 960
tagagctttt taatagcact aaccaatgcc ttttttagatg tattttttgat gtatatatct 1020
attattcaaa aaatcatgtt tatttttagt cctaggactt aaaattagtc ttttgtaata 1080
tcaagcagga ccctaagatg aagctgagct tttgatgcca ggtgcaatct actggaaatg 1140
20 tagcacttac gtaaaacatt tgtttccccc acagttttta taagaacaga tcaggaattc 1200
taaataaatt tcccagttaa agattattgt gacttcactg tatataaaca tattttttata 1260
ctttattgaa aggggacacc tgtacattct tccatcatca ctgtaaagac aaataaatga 1320
ttatattcac aaaaaaaaaa aaaacaccgg gggggggccc gggcccca 1368

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 424 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7

```

gaatgccctt tggggggccag gggccccttg gagccccgcc accctttccc acttggccgg 60
50 ggtgcccgcg gccgccaccc ctgcacgatg ggcaggctgg cccccccca gagccctccc 120
cacagccagc agcctttcca cagtcaactg ccttcccgcg gtccccagcc ttccctacgg 180
cctcaccgcg accccctcag agcccagggc tgcaaccctt cattatccac cagcacaga 240
tggtacagct ggggctgaac aaccacatgt ggaaccagag aggggtcccag ggcgccaggg 300
acaagacgca ggaggcagaa tgaccgcttg tccctgcctg accagctggg gaacaaccct 360
55 ggaccgaggc atcgccagc agccatagag cacccggttt ttccctgtgc ccttttgtaa 420
attg 424

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1020 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:8

```

caagtaaattg cagcactagt ggggtgggatt gaggctatgc cctggtgcat aaatagagac 60
tcagctgtgc tggcacactc agcggctctg gaccgcatcc tagccgccga ctcacacaag 120
gcaggtgggt gaggaatcc agagttgcc tggagaaaat tccagtgtca gcattcttgc 180
tccttggtgc cctctcctac actctggcca gagataccac agtcaaacct ggagccaaaa 240
aggacacaaa ggactctcga cccaaactgc cccagaccct ctccagaggt tggggtgacc 300
aactcatctg gactcagaca tatgaagaag ctctatataa atccaagaca agcaacaaac 360
ccttgatgat tattcatcac ttggatgagt gccacacag tcaagcttta aagaaagtgt 420
ttgctgaaaa taaagaaatc cagaaattgg cagagcagtt tgtcctcctc aatctggttt 480
atgaaacaac tgacaaacac ctttctcctg atggccagta tgtccccagg attatgtttg 540
ttgacccatc tctgacagtt agagccgata tcaactggaag atattcaaac cgtctctatg 600
cttacgaacc tgcagatata gctctgttgc ttgacaacat gaagaaagct ctcaagttgc 660
tgaagactga attgtaaaga aaaaaaatct ccaagccctt ctgtctgtca ggccttgaga 720
cttgaaacca gaagaagtgt gagaagactg gctagtgtgg aagcatagtg aacacactga 780
ttaggttatg gtttaattgtt acaacaacta ttttttaaga aaaacaagtt ttagaaattt 840
ggtttcaagt gtacatgtgt gaaaacaata ttgtatacta ccatagttag ccatgatttt 900
ctaaaaaaaa aaataaatgt tttgggggtg ttctgttttc tcaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 960
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaattgcc ccaaggggga cgggttacia ttggggggcg1020

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 718 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

```

10  tgaaaaagta aactacatTTT -cctagcgtgc ccgtgtcttg cttccggctg acgtgtcttt 60
    caggaagagg agctggtgag aagacagcga aatggcgccg ccggcccccg gcccggcctc120
    cggcggtccc ggggaggtag acgagctgtt cgacgtaaag aacgccttct acatcggcag180
    ctaccagcag tgcataaacg aggcgcacgg gtgaagctgt caagcccaga gagagacgtg240
    gagaggagc tcttcctgta tagagcgtac ctggcgacga ggaagtctcg tgtggtcctg300
15  gatgagatca agccctcctc ggccccctgag ctccaggccg tgcgcagtgt tgctgactac360
    ctgcgccacg agagtcggag ggacagcatc gtggccgagc tggaccgaga gatgagcagg420
    agcgtggacg tgaccaaacac caccttcctg ctcatggccg cctccatcta tctccacgac480
    cagaaccggg atgccgccct gcgtgcgctg caccaggggg acagcctgga gtgcacagcc540
    atgacagtgc agatcctgct gaagctggac cgcctggacc tcgcccggaa ggagctgaag600
20  agaatgcagg acctggacga ggatgccacc ctcaccacgc tcaaggtctt ggtaagcttg660
    caacgggtgt aaaagctcaa ggatccttct gatttcaggg attggtaaaa ttgttcca 718
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

```

gcaggaccgt cattgacgcc atgagcgcgc tgctgcggct gctgcgcacg ggtgccccag 60
ccgtgcgtg cctgcgggtg gggaccagt cagggaccgg gtcgcgcctg gctatggccc 120
tgtaaccacac tgaggagcgc ggccagccct gctgcagaa ttaccgcctc ttctttaaga 180
50 atgtaactgg tcactacatt tcccccttcc atgatattcc tctgaagggtg aactctaaag 240
aggaaaatgg cattcctatg aagaaagcac gaaatgatga atatgagaat ctgtttaata 300
tgattgtaga aatacctcgg tggacaaatg ctaaaatgga gattgccacc aaggagccaa 360
tgaatcccat taaacaatat gtaaaggatg gaaagctacg ctatgtggcg aatatcttcc 420
cttacaaggg ttatatatgg aattatggta ccctccctca gacttgggaa gatccccatg 480
55 aaaaagataa gacacgaac tgctttggag ataatgatcc tattgatgtt tgcgaaatag 540
gctcaaagat tctttcttgt ggagaagtta ttcatgtgaa gatccttgga attttggtc 600
ttattgatga aggtgaaaca gattggaaat taattgctat caatgcgaat gatcctgaag 660
  
```

```

cctcaaagtt tcatgatatt gatgatgtta agaagttcaa accgggttac ctggaagcta 720
ctcttaattg gtttagatta tataaggtag cagatggaaa accagaaaac cagtttgctt 780
ttaatggaga attcaaaaac aaggcttttg ctcttgaagt tattaaatcc actcatcaat 840
gttggaagc attgcttatg aagaagtgt atggaggagc tataaattgc acaaacgtgc 900
5 agatatctga tagccctttc cgttgcactc aagaggaagc aagatcatta gttgaatcgg 960
tatcatcttc accaaataaa gaaagtaatg aagaagagca agtgtggcac ttccttggca1020
agtgattgaa acatctgaaa ttctgctgtc aagattccca tctctaagga ctccaagtgc1080
tagagacaag ggggtctatg agcatttact gacttcctgt taaaacttca ttttttcaa1140
ctttttgagc tatgcaatat ataaataaac agtaagaatt ttaaattaaa aaaaaaaaaa1200
10 aa 1202

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:11

```

35 ggagccggga ctgcggggcg gcgggcgggg gcgtcgtgctgc gcggctggcc ggtgaggccg 60
cgccatgggg cgagtgcagc tcttcgagat cagcctgagc cacggccgcg tcgtctacag 120
ccccggggag ccgttggtcg ggaccgtgcg cgtgcgcctg ggggcaccgc tgccgttccg 180
agccatccgg gtgacctgca taggttctctg cggggtctcc aacaaggcta atgacacagc 240
gtgggtagtg gaggagggtt acttcaacag ttccctgtcg ctggcagaca aggggagcct 300
gcccgtctga gacacagct tccccttcca gtctctgctt cctgccactg caccacgtc 360
ctttgagggt cctttcgggg agatcgtgca ccagggtgagg gccgccatcc acacgccacg 420
gttttccaag gatcacaagt gcagcctcgt gttctatata ttgagccctt tgaacctgaa 480
cagcatccca gacattgagc aacccaacgt ggccctctgcc accaagaagt tctcctacaa 540
45 gctggtgaag acgggcagcg tggctctcac agccagcact gatctccgcg gctatgtggt 600
ggggcaggca ctgcagctgc atgccgacgt tgagaaccag tcaggcaagg acaccagccc 660
tgtggtggcc agtctgctgc agaaagtgtc ctataaggcc aagcgtctga tccacgacgt 720
acggaccatt gcggaggtgg aggggtgcgg cgtaaggcc tgccggcggg cgcagtggca 780
cgagcagatc ctggtgacct ccttgcccca gtccggccctg ccgggctgca gcctcatcca 840
50 cctcgactac tacttacagg tctctctgaa ggccgcggaa gctactgtga ccctcccggt 900
cttcattggc aatattgctg tgaaccatgc cccagtgagc gcccggccag gcctggggct 960
gcctcctggg gccccacccc tgggtggtgcc ttccgcacca ccccaggagg aggctgaggc1020
tgaggctgcg gctggcgggc cccacttctt ggaccccgtc ttctcttcca ccaagagcca1080
ttcgcagcgg cagcccctgc tggccacctt gagttctgtg cctggtgcgc cggagccctg1140
55 ccctcaggat ggcagccctg cctcacaccc gctgcaccct cccttgtgca tttcaacagg1200
tgccactgtc ccctactttg cagagggctc cggggggcca gtgcccacta ccagcacctt1260
gattcttctt ccagagtaca gttcttgggg ctaccacctat gagggccccc cgtcttatga1320
gcagagctgc ggccggcgtg aacccagcct gaccctctag agctgacccc gtgctgcctt1380
ctccaggcag gcctggcctc tgccctggga ctggggcgcc cagggcctcg tgccttctct1440

```

cttggcctag cctggcctc tcaggacctg cccagcctct gccagcctt ctgcatccgc1500
 cctcttctcc ctggggctgg ggtgggggtg gcagggagct gggacctgga gagacaactc1560
 ctgtaaataa aacactttat ttgtagaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1610

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:12

30 cagcgaagga tgaggcgggg tttcgccgtg gcgcgcgatgc gtgcagcaaa gaatggagga 60
 gtcggaaccc gaacggaagc gggctcgcac cgacgagggtg cctgccggag gaagccgctc 120
 cgaggcggaa gatgaggacg acgaggacta cgtgccctat gtgccgttac ggcagcgccg 180
 gcagctactg ctccagaagc tgctgcagcg aagacgcaag ggagctgcgg aggaagagca 240
 gcaggacagc ggtagtgaac cccggggaga tgaggacgac atcccgtag gccctcagtc 300
 caacgtcagc ctccctggatc agcaccagca ccttaaagag aaggctgaag cgcgcaaaga 360
 35 gtctgccaaag gagaagcagc tgaaggaaga agagaagatc ctggagagtg ttgccgaggg 420
 ccgagcattg atgtcagtga aggagatggc taagggcatt acgtatgatg accccatcaa 480
 aaccagctgg actccacccc gttatgttct gagcatgtct gaagagcgac atgagcgctt 540
 gcggaagaaa taccacatcc tgggtggagg agacggtatc ccaccacca tcaagagctt 600
 caaggaaatg aagtttctct cagccatcct gagaggcctg aagaagaaag gcattcacca 660
 cccaacaccc attcagatcc agggcatccc caccattcta tctggccgtg acatgatagg 720
 catcgctttc acgggttcag gcaagacact ggtgttcacg ttgcccgta tcatgttctg 780
 cctggaacaa gagaagaggt tacccttctc aaagcgcgag gggccctatg gactcatcat 840
 ctgcccctcg cgggagctgg cccggcagac ccatggcatc ctggagtact actgccgcct 900
 gctgcaggag gacagctcac cactcctgcg ctgcgcctc tgcattgggg gcattgccgt 960
 45 gaaagagcag atggagacca tccgacacgg tgtacacatg atggtggcca ccccgggcg1020
 cctcatggat ttgctgcaga agaagatggc cagcctagac atctgtcgct acctggccct1080
 ggacgaggct gaccgcatga tcgacatggg cttcgagggt gacatccgta ccatcttctc1140
 ctacttcaag ggccagcgac agaccctgct cttcagtgcc accatgccga agaagattca1200
 gaactttgct aagagtggcc ttgtaaagcc tgtgaccatc aatgtggggc gcgctggggc1260
 50 tgccagcctg gatgtcatcc aggaggtaga atatgtgaag gaggaggcca agatggtgta1320
 cctgctcagag tgcctgcaga agacaccccc gcctgtactc atctttgcag agaagaaggc1380
 agacgtggac gccatccacg agtacctgct gctcaagggg gttgaggccg tagccatcca1440
 tgggggcaaa gaccaggagg aacggactaa ggccatcgag gcattccggg agggcaagaal500
 ggatgtccta gtagccacag acgttgctc caaggcgctg gacttccctg ccatccagca1560
 55 cgatcatcaat tatgacatgc cagaggagat tgagaactat gtacaccgga ttggccgcac1620
 cgggcgctcg ggaacacag gcatcgccac taccttcac aacaaagcgt gtgatgagtc1680
 agtgctgatg gacctcaaag cgctgctgct agaagccaag cagaaggtgc cgcccgctg1740
 gcaggtgctg cattgcgggg atgagtccat gctggacatt ggaggagagc gcggctgtgc1800
 cttctgcggg ggcctgggtc atcggatcac tgactgccc aaactcgagg ctatgcagac1860

caagcaggtc agcaacatcg gtcgcaagga ctacctggcc cacagctcca tggactttctg1920
 agccgacagt cttcccttct ctccaagagg cctcagtccc caagactgcc accagtctac1980
 acatacagca gccccctgga cagaatcagc atttcagctc agctggcctg gaatgggcca2040
 ggctggctct ggctgcctgt tccctgtgct cttcagaatt actgtttttg tttcctttta2100
 5 cccagctgc cattaaagcc caaacctcta gcccaaaaaa aaaaaaaa aaaaa 2155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1743 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

30

cctggggcggg ccctgcgtca ggttgacagt tcaacttttag ctctgggcac ctccagctcc 60
 tgctcgccgg acggctccca gggagagcag acgcgccaga cgcgccaccc tcggggcgcc 120
 gacggtcacg gagcatggg tgggcctttg agcgggtagt ccggagagtg gtccaggagc 180
 tggaccatgg tggggagttc atccctgtga ccagcctgca gagctccact ggcttcagc 240
 35 cctactgcct ggtggttagg aagccctcaa gctcatggtt ctggaaaccc cgttataagt 300
 gtgtcaacct gtctatcaag gacatcctgg agccggatgc cgcggaacca gacgtgcagc 360
 gtggcaggag cttccacttc tacgatgcca tggatgggca gatacagggc agcgtggagc 420
 tggcagcccc aggacaggca aagatcgagc gcggggccgc ggtgtctgac agctccagca 480
 cctcaatgaa tgtgtactcg ctgagtgtgg accctaacac ctggcagact ctgctccatg 540
 agaggcacct gcggcagcca gaacacaaag tcctgcagca gctgcgcagc gcggggacaa 600
 cgtgtacgtg gtgactgagg tgctgcagc acagaaggag gtggaagtca cgcgcacca 660
 caagcgggag ggctcgggcc ggttttccct gcccgagcc acgtgcttgc agggtaggg 720
 ccagggccat ctgagccaga agaagacggg caccatcccc tcaggcagca cctcgcatt 780
 ccgggtggcc cagctggtta ttgactctga cttggacgtc cttctcttcc cggataagaa 840
 45 gcagaggacc ttccagccac ccgcgacagg ccacaagcgt tccacgagcg aaggcgctg 900
 gccacagctg ccctctggcc tctccatgat gaggtgcctc cacaacttcc tgacagatgg 960
 ggtccctgag gagggggcgt tcaactgaaga cttccagggc ctacgggcag aggtggagac1020
 catctccaag gaactggagc ttttgagacag agagctgtgc cagctgctgc tggagggcct1080
 ggaggggggtg ctgcgggacc agctggccct gcgagccttg gaggagcgc tggagcagg1140
 50 ccagagcctt gggccggttg agcccttga cgtccagca ggtgctgtcc tggagtgcct1200
 ggtgttgtcc tccggaatgc tgggtccgga actcgctatc cgtgttgtct acctgtggg1260
 ggcaactgacc atgctgagt aaacgcagca caagctgctg gcggaggcgc tggagtgc1320
 gaccctgttg gggccgctcg agctggtggg cagcctcttg gagcagagt ccccgagg1380
 ggagcgcaga ccatgtccct gccccccggg ctctgggga acagctgggg cgaaggag1440
 55 ccggcctggg tcttgttgga cgagtgtggc cttagagctg gggaggacac tccccag1500
 tgctgggagc cgcaggccca gggccgcatg tgtgcactct acgcctccct ggcaactg1560
 tcaggactga gccaggagcc ccaactagcct gtgcccgggc atggcctggc agctctccag1620
 cagggcagag tgtttgcccc ccagctgcta gcctaggaa ggccaggagc ccagtagcca1680
 tgtggccagt ctaccatggg gcccaggagt tggggaaaca caataaaggt ggcatacgaa1740

gga

1743

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 970 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:14

30 cggctcgagt gggtttttag tttgttcctt ctttttgaag tcccttcatt tcaatccttg 60
 actctctctc cccttccctt gccagctct gttgaatgct gctgtgcgcg tgtgagggcc120
 gctctgcaca cagggccctt gggttgtgtg aactgaaatt ctccctgtat ttgtgagact180
 cgcaggagtc cccatctgta gcacaggcaa tgccagtgcc atgctgcagc ctcagaaacc240
 aggcctctca ctccagcagc aggcagaacc gtgtctgtgg tcgggtgctg tccacagctc300
 tgtctgcctt gttcttgggc ttgagctgga tagaggtggg gtctcttcac cttccctgaa360
 ttcagaacag accctgtgcc tggccccagt gtgcccaggc aattccccag gccctcattg420
 ggagcccttg gtgttctgag cagcagggcc caggcagcac atgagcagtg cccaggggct480
 35 ccctgcgtga ggacggcaag gtgcgatgta tgtctaactt attgatggca ggcagccccc540
 tgtgccccct aagcctggcc ctgggtattg ctgagctctg tgctcagtgc tgcggcctgg600
 ccgtggctcg tctgttcctt tggggggccc gggcgggttg tgggaatcag tcttcacaga660
 cagacgtgag ccaggcggag gactcgttcc ttgcagaggt cagtcctcac ctgcaggtgt720
 cggggtgggg gggggcaagg aggggcaggc acacaccatg tctgacctga acccgattct780
 ggggagcatc ttcccgtcc ggccccacga cctccacagg gttacattgt aatatatatg840
 cccagctaa cctgtctgat ggtggcatct tcctgcagac atttcaaaca tgtaactttt900
 atatgaaaaa aaataaacac agatgaaagc tgcccaatgc caaaaaaaaaa aaaaaaaaaa960
 aaaaaaaaaa 970

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2003 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
- 55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:15

```

gagagatctg aaataacctt tcccagtgagg cagggttgcc aggggttgagg ggacagcaca 60
taccaccccc acccaacctg ttccgaggggc cctgcatggc acgggatgag tccctgccct 120
15 gtgcagctgc ctggcagtggt ctggggacaag gatcttgtag ccagcacaga ggccctctca 180
aaggcctctc cctcttgga ctcaggcaga ggaggtgccc cgcttcccc acaacctccag 240
gcagtgaccc tagggcatgc cccagcaggt ctccgagcag ccactgggac cegtctcagc 300
acatccctggc ctttgaaagt ctgatatacct gagaggaggg cagggttttag ggccgcaggt 360
ccagccagcg tccccagcct ggcttccctg ccatggactc agtagctcgt ggggcttctt 420
20 accacccacc agccccgctg ggggtgcggcc tggctgtggg caaaggagga cttgcctgga 480
gatttgagag aagattcctt ctaccagggc tgctgagggg ccaggcctgc atcaggggct 540
aggctctggc tggggccgga ggctgagact aaggctttcg accctgggtg ctcctatgtg 600
atgctgcctc agacaaaggc agtgagcctt ccctgccaaa gtgccatcc catgggctcg 660
gcctcactgg tcaactgttag cccatgaaca cgtgtggggc tcggtcacgt ggctttgagg 720
25 gcagtctgac caggctagac cacacgtgcc gtgacagggg gtgccattcc cctcgcaggc 780
tctaattgtc ccacatgtag cctggcagtc caaagaccaa gaatcaactt gcaaactctg 840
cattaaactg ctgtgcgact tcaggcatat cactgccttc tctgggcttc agtgtcctt 900
tcatacctag aagtctgcgg tctgaggctc tttgggttca gacacactgt tctaggcttc 960
tgtaggggac cttgtgatct gccgtgcccc tcttccctgt tcttttctgt cctccccacc 1020
30 ccaccctcag aagctgcttg ctctgcccc aggacaggag cttgacggat gaagtgcagc 1080
cagccaccca ggtgccattt ccagtctgac ttccagaaat gtgcaccatg tcctagagca 1140
cagacccatt ggctggagcc tcctgggagg gttcaaacca tcagctctat gagaaatgcc 1200
cagaaaggct ttgccgactc catccgtctg tggaggctgc ctgcctccgg ggtgggatgg 1260
gtggtttctc ctccaattca gacccaagag gtaccccccg agggcatgta cctggtggga 1320
35 agcagctcag gtacccttgg ggggtgcagg gcccttacgc aggtatttct ctctctctcc 1380
tctctggggg gcgtgtgtgc gtgcgcgtgt gcgtgcctat gcttttctct gtgggcacat 1440
caggatgccc ctccgagagc atgtgcacgt gtcccccact gagcgagcgt gtgtgtgtgc 1500
tcctctgcgt cccagggtttg gacgtctagg gtttggtgtg cctgtcttct gccctccctg 1560
agccacagg gtcagtcaat gtatcttcta cgtgcctctc cctctgcctt ctctcacagt 1620
40 gcccccggt ccagagctca ggggtagggg ttctcctgag ggtgcagggg atccttctca 1680
tctcctggac cctccagggc actctgggtc ctattcccca gctcctaggc agctgagccg 1740
ggtcccttag gggaggtgac caggagcttt ggtgcagggg gctcttgggt gggcaaaggg 1800
ctggacccct gccagggtctg tggacatggg tatatgcccg ggagaggggg gtgcagggcc 1860
ccagggatgg cccccaatcc cactctgtt tattctgtaa actgcaacct ataaataacc 1920
45 tttagcattc ctattgtaac aaaattaatt tttatgaaat aaattatatt tcctagtcta 1980
ataaaaaaaaa aaaaaaaaaaa aaa
2003

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2279 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:16

gattgaatta agcccttggg tttgccccac tgcagcttca agcggaaagg aaggaaccag 60
 ttggaccagt ggtcacagac ccaagcaaaa ggcgaccgca atcagcagct gggcttcacc 120
 cctttcctct gaaccagtga cccaaacctt tcaccctcga ttgggcaacc ttggcctggg 180
 gcatgtttat caccactgaa gtgacttgca gctatcaaag accagttaga ggggtgtgcag 240
 caagcacttt ctcaggctgc ccccatccca gaagaggaca cagacactga agaaggtgat 300
 gactttgaac tacttgacca gtcagagctg gatcaaattg agagtgaatt gggacttaca 360
 caagaccagg aagcagaagc acagcaaaat aagaagtctt caggtttcct ttcaaactctg 420
 ctgggaggcc attaatctag gaatcagctt gcaacagagc acaaaaaaca ccaaaaaaat 480
 ttcaaacaaa aaaaaaaaaa aaaaaaggaa aagaaaaaaa ttgaactgta agctttaatg 540
 attacttttag atttgtttta ttttcctccc tgcagtgaat taattggata tatatcagct 600
 gacactgata gattgatatt tctgatcggt atttttgtgt aataagcatg gaaatgaact 660
 ttatacacac cactgtgttg tcagagataa atattagggg ttgtttttta agcaaaaaga 720
 aaaaaacaaa aaccaaaacta ttaaaatcct cctataaata ttctttttct ttacagtttt 780
 tcaagcatgc aaaacagttt attgtaactt actgaaaaat attaacaatt aattgtgaat 840
 acatgtctgt accagcttcc ttattcctaa tacctggaaa attttttttt caacggatag 900
 attttgatgt aaaaaagacc gaaattatca aggtatctta gttgaaggac ttgggaaata 960
 ctatcaaaaat taatttctta ggaaaaaatt taaaagtata tttaagtact ctggatagac 1020
 tgaaacgttt ccatgttatt tctgcagttg tagacttagg cttatttgta aagaagcatg 1080
 ctccattgac tgccatctct agtcttgcag tgggtgggtat taaccatag aaagcaagca 1140
 gttgtgtatc acatagacaa tgggtatgat gtaaacagat tcagttgttt tgtgttcat 1200
 tcgtcatatg tttgtgatag ggatgttggg agcacagctc tattctgcct gctcagactt 1260
 aagttagacc cttatctttt atattatgtc atgaaaaaag tctcctaaaa ttgtgaaact 1320
 agttcttgat gagtgatgtg atcatcagca ataaagatat aataactctg ttttcttagc 1380
 ctgtatagag gagaggaact tgcttggcct taaaatatat ttatttgcca ttaagtata 1440
 aatatgaaat ctgtttctta ttgggaagat agaatatata tattttcctt taaacttttt 1500
 aaggtcactt ttaaataacc aaatttgatt tatggttttt aacaaaggac taaagagctg 1560
 aaaccaacct agttttgttt ttgtgatata aactttaagt gtcgagggac catgccagca 1620
 actacaaaaa atctcttaaa tcttcaggta cagctggcat tttggcagat gcatagagac 1680
 atctgagacc ctcagaaagg aaggataatc caagaatata ggaaatctgt gttctcttcc 1740
 tttcatttta tcccttatat ttctaaagac taattataag taatctgaca ttttaatgta 1800
 gctactctta tttatttttt ctttctgagg tattaataa tctggactga gttttgcca 1860
 atgttaaagg gagaagagtt actgaagact ttgaacactt gctttttgtg attgcttatg 1920
 tcattagtgc ctcagtactg tgtttgatgt cctttattga tacaaagtga gcctgtgcct 1980
 tcattatctt gccatttta atacaaatgg aaacctggtg tttgaaaatc tctgaactgt 2040
 gtgggttttg gaggaatata cctgaatttt attcaataac agtttctgga caggaagaaa 2100
 aatacagtta catatttata aaatagtcgt tatcagtatt tttttatgtg tatgtttctt 2160
 tctttaaaac aatattcttg gatataaagt agaaaagttt aaaggtcatt tccatttctt 2220
 cactaaggag aaaaaagtt aaataatcca agtaattaaa gatataagtc actagatga 2279

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 761 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:17

```

aaatcttagg gtaagccagc tgccttggaa gcccaccagg gctccagact gcaggggaaga 60
agccgggagc aggcagccat acctccactc ttgtcctcaa ggactcagct gtgtggcctt120
ggatttcttt ttgcgggact tgcgccctgc aggacactgg tgttgagatt ggagggctct180
atcctgcccc ggggtgactc ccagggttgc agggggatag ggtggagaag ggtgctgtag240
cccttgcaag cgtgaagtcc tttctgctct cttagcctat tacattagga gtagcttacc300
tttgggtgcc aacgggtccag gatcccccta aaatgggatg gggataattc aggaatcagc360
ctgggttggc acaggggagg tattccttgg agaggcagga ctcacacaca cccatccaga420
tcagtgtagc ttctccctta ggaagcctct aggacatccc ccatgttaga gtccacatca480
25 gcaaagctgc tctgcccttg gctactttca cttgggctac ctgccttggg ctacttccac540
tagctgcaac cctgggagcg atgggagggg aggggtgtga ccctcaggaa cagtgtggtc600
cttgagggtg ctagacagac cctgagcatc accaccccag ttattgtgac cccacgtttc660
caccatcag cctcctggg tctctgcctg tgtgaacagt agggcccaac ctggaaccag720
30 atggtacggc catgccggtc ctgcaggag ctcatgcctg g 761

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1403 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:18

55

```

ggtaggctttg cctgggtgct gggcctgcgt tctctggctg cttgctgcct gtgtgcgttc 60

```

```

cttgggtggct ttggct cactccttgg tcgtcaccgc tcaggt c cattcacacg 120
aggtcctcct cgctctggcc gctcttggct ctccgtgtctg aagaaatcag actgatttcc 180
tcttaagact cctagggatg tggatgaagag ctgggactca agtgcagtcc acggtgtgaa 240
acatgagggg ggtgaggtgt ccgtccactt ccccataaa ggtgtgcatt tcagttaggc 300
5  tgccccgcc cagagcaggc ttcattctgt ctgccatcca gccccatctg gatgtgaggt 360
gggggtggaga catcatgggg tgattgcaga aagggggagt ggcggccac gcagcttctg 420
ctgaggagct gaccgctctg agctgttctg tttcgtattg ctgctctgtg tctgcatgta 480
ttgtgaccgt gcggctccac ctcttccagc tgctgttaca gctgaggcct ggatcccggc 540
ctttccctgt gacttacgtg tctgtcaccg gcaggcagcc ctacaaatcc tggtgacctg 600
10 ctctcccaag aacagagcct gtcccagat gtcccagtag cgatgagtaa cagaggtggc 660
tgtggacttc ctctacttct ccttggctgga tcagggcctt cctgcctccc gctgggcagg 720
tctggccttg ctctcttggc agggccccag cccctctgac cactctgcag ctccacctgc 780
agctgatgcc aaagtgtgtg tgtccagtgt gcagcagccc tgggagccac tgccaccttc 840
agagggttc cttgctgaga cccacattgc ttcacctggc cccaccatgg ctgcttgctt 900
15 ggcccaacct agcgttctgt gccatgctag agcttgagct gttgctcttc ttcaggggag 960
gaaatagggg ggagagcggg aagggctctg ctcttaagtg ttgctgctgt ggcttttttg 1020
ccttctccaa agacgcactg ccaggctcca agcttcagac tgctgtgctt agtaagcaag 1080
tgagaagcct ggggtttgga gccacctac tctctggcag catcagcatc ctactcctgg 1140
caacatcagg ccaacgtcca cccagcctc acattgccag atgttggcag aagggtaat 1200
20 attgaccgtc ttgactggct ggagccttca aagccactgg gatgtcctcc aggcacctgg 1260
gtcccatgac cagctccccg tctccatagg ggtaggcatt tcaactggtt atgaagctcg 1320
agtttcatta aatatgttaa gaatcaaac tgtctttgtt caggctgcta taacaaaaat 1380
ataatagcct ggggtggctta aac 1403

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1702 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

```

gggccgcacc ggagtgtcgg tggatgatgg catcccgagc gtgcggcgcg aggtgcactc 60
50 gtacctgact gacactctgc actcgtcat ctccgagctg agcccgagg agaaggagga 120
ctcggtcact gtggtgctga tcgccgagac tgactcacag tacacttcgg cagtgcaga 180
gaacatcaag gccttgttcc ccacggagat ccattctggg cctctggagg tcatctcacc 240
ctccccccac ttctacctg acttctcccg cctccgagag tcctttgggg accccaagga 300
gagagtccag tggaggacca aacagaacct cgattactgc ttcctcatga tgtacgcgca 360
55 gtccaaaggc atctactacg tgcagctgga ggatgacatc gtggccaagc ccaactacct 420
gagcccatg aagaactttg cactgcagca gccttcagag gactggatga tcctggagtt 480
ctcccagctg ggcttcattg gtaagatgtt caagtcgctg gacctgagcc tgattgtaga 540
gttcattctc atgttctacc gggacaagcc catcgactgg ctccctggacc atattctgtg 600
ggtgaaagtc tgcaaccccc agaaggatgc gaagactgtg accggcagaa agccaacctg 660

```

```

cggatccgct tcaaaccgct cctcttccag cacgtgggca ctcaactcctc gctggctggc 720
aagatccaga aactgaagga caaagacttt ggaaagcagg cgctgcggaa ggagcatgtg 780
aaccgcgag cagaggtgag cacgagcctg aagacatacc agcacttcac cctggagaaa 840
gcctacctgc gcgaggactt cttctgggcc ttccccctg ccgcggggga cttcatccgc 900
5  ttccgcttct tccaacctct aagactggag cggttcttct tccgcagtgg gaacatcgag 960
caccgcgagg acaagctctt caacacgtct gtggagggtgc tgcccttcga caaccctcag1020
tcagacaagg aggccttgca ggaggccgc accgccacc tccggtacct tccgagcccc1080
gacggctacc tccagatcgg ctcttctac aagggagtgg cagagggaga ggtggaccca1140
gccttcggcc ctctggaagc actgcgcctc tcgatccaga cggactcccc tgtgtgggtg1200
10 attctgagcg agatcttctt gaaaaaggcc gactaagctg cgggcttctg agggctacct1260
gtggccagcc ctgaagccca catttctggg ggtgtcgtca ctgccgtccc cggagggcca1320
gatacggccc cgcccaaagg gttctgcctg gcgtcgggct tgggccggcc tggggtccgc1380
cgctggcccg gaggccttag gagctgggtc tgcccccgcc cgccggggccg cggaggaggc1440
aggcgggccc cacactgtgc ctgaggcccg gaaccgttcg caccgccct gccccagtca1500
15 ggccggttta gaagagctt tacttgggcg ccgcgcgtct ctggcgcgaa cactggaatg1560
catatactac tttatgtgct gtgtttttta ttcttgata catttgattt tttcacgtaal1620
gtccacatat acttctataa gagcgtgact tgtaataaag ggttaatgaa gaaaaaaaaa1680
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1702

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 802 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

```

tttttttttt ttttttttca ttttcaaaag ggctttttatt aaattctccc cacacgatgg 60
45  ctcttgcaat ctgccacagc tctggggcgt gtctgttagg gaaaggccct gttttccctg120
aggcggggct gggcttgtcc atgggtccgc ggactggccg tgcttggcgc cctggcggtg180
gtctagctgc ttcttgcccg gcacagagct gcggggtctg ggggcaccgg gagctaagag240
caggctctgg tgcaggggtg gaggcctgtc tcttaaccga caccctgagg tgctcctgag300
atgctgggtc caccctgagt ggcacgggga gcagctgtgg ccggtgctcc ttcctaggcc360
50  agtcctgggg aaactaagct cgggcccctt tttgcaaaga ccgaggatgg ggtgggtgtg420
ggggactcat ggggaatggc ctgaggagct acgtgtgaag agggcgccgg tttgttggct480
gcagcggcct ggagcgcctc tctcctgagc ctacgtttcc ctttccgtct aatgaagaac540
atgccgtctc ggtgtctcag ggctattagg acttgcctc aggaagtggc cttggacgag600
cgcatgttta ttttcacaac tgtcctgcga cgttggcctg ggcacgtcat ggaatggccc660
55  atgtccctct gctgcgtgga cgtcgcggtc gggagtgcgc agccagaggc ggggccagac720
gtgcgcctgg ggggtgaggg aggcgccccg ggagggcctc acaggaagtt gggctcccgc780
accaccaggc agggcgggct cc 802

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1647 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

```

25  accccttctc tttctttttc cttttttctt tttctttttt gggttaagggt gacaccccat 60
    ttattggaga agaccccgag acccgcccc tgaggtctta agggctttgg tgtatccttg 120
    gtcacgagcg ctgggccagg aagcagagtt cctgagagcc aagtctagtg gttgagagag 180
    gaccctggct gggcctgggg agcaggaagc catctgtcca gctgggcagc ccccatgggt 240
    ccctgggtgca gccccggcca tgtgtccagc gcccatact ccatgagggg ggtctgcacc 300
    ccatcacacg ctggttctgc aggtctgcac ccctgtgagg ctgcccctgg ggggcatggg 360
    ttctgttggg ctcttgctcc cagcatggat gaccagcga tagcagtcag tgatgcgctt 420
    gttgggtgca tggggggccac agcgggtgca gtacacgatg cccagtgcag gcaggaccac 480
    caaaaagaca cacgttggca ccaggagtgc caccagcagc caccggtcac ccctctggct 540
    gtgctcggca agaccagcct cccccagggc tggtggggct gctgtggggg ctggtgaggg 600
    cagccacagg gccaacttgg gactggggcc atcttccctt gggatttggg gggctttgga 660
    atggggatgt gtagggctga tgggtgaggt ctggttagtg gggctctgag agggcaggag 720
    ggtggggagg gctgcgggct ggggtggcagc aggcacagag atttgatggg caggagacac 780
    aggggacctg gagtggtggt tcagagaggg ctgggcagtt gggataatgg gaagctgggt 840
    ggcctgggtt ctgaggacaa gggcatctgg ggcttgaggg ggtcgctggg caccgagggt 900
    ggtgaccaga ggggcatggt taggtgggat tccaggcaaa tgagtgggtg tctgggtgcc 960
    agcgacccgg gtgtctggaa acatggggga ctggtgggca gggaagagct ccgcatattt 1020
    ggttgagatc atagggggt ggtgggcagg aggtgtgtct gaatgagaga cagagagaat 1080
    accgggttgg taggcagaag gcagatctgg atagtggct gcgatcacgg ggatctggtg 1140
    gtcacgggac aaagctgggt gtgtggcagg gatcacagga ggctgggtgg cagaaggcag 1200
    45  tgtgggatgc gtggcagaga ccaccacagg ccgggtgacg gagagcactg aggagtggta 1260
    ggggacctg ggggcactga gcgggggtgg ccagggtggc tccgggtagg gtatctgtgg 1320
    ctctctgtcc tctgggaagc tcggtctata ggccagggca aagtcaggcg gctgcgtagg 1380
    ctccatccac aggatccag gcactctcgt ccagccaccg ttgaagcctt ccaggcctcg 1440
    tcttcatctt cctcatcctc cccgtcatcc agcaactcat ctccgagggt ctgggaaccc 1500
    50  tgggcaccca tggccctctg agggctgcag ctgatgccat cagcctccag ctcatgtccc 1560
    tcgctacaat aacctcgaa gccaccaacg tagttgacac acatctgctg gcacacaccg 1620
    gcaatctggc actcatctgt gtccaca                                     1647
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1170 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

	cctcgctggc	agaagagata	gaatcagggc	tgccccaca	gagtgggacc	caaggggcta	60
	attggaggca	cgaggggacc	cctccccagg	gccttttcct	cctctgcgtc	ttccatctac	120
	tgaaatggga	gaggggggtgg	ggagcttctg	ttctggtgaa	gggaccggg	caggcccca	180
	gcaccccatg	ctgacttgga	gaaccccaga	tctctggggc	ccagccaggc	aggggtgtggg	240
25	ggcagctgtg	ccaatctacc	tcacaggccc	acccctgcc	gggcatgccg	tgggatcatg	300
	ggcaggggaag	gctctggggg	tcggagacac	cgctgcttag	cacccccagc	cagaacaccc	360
	tgagggtctc	ggggctctgg	agagagtggg	gcgaggaggaa	gaattggcac	cttcctaggg	420
	aaggagacga	gcgcttcgcc	ttgattctcc	gagaagcctc	cgagaagtgc	tttaagtgtg	480
	tttgcatgcg	ccaggcgggtg	ggcagcgggg	gcctgtccag	ccctctccc	ccatccttcc	540
30	ccaagtgaag	tccactgcct	tgtcaccagc	gacctgcctg	tcatgccac	cccctgagga	600
	agcatgggga	ccctaacacc	ctgggtgccct	gcaccagaca	ggccgtggtc	aggcccaggc	660
	caccggcccg	gttctgccac	agcttccca	gtgcttgctg	acatgcgtgt	gcctgtgtgt	720
	ggtgtctgtt	gctgtgtcgt	gaaactgtga	ccatcactca	gtccaaacaa	gtgagtggcc	780
35	ctcgaggcca	cagttatgca	actttcagtg	tgtgtcataa	cgacgtcact	gctttttaaa	840
	ctcgataact	ctttatttta	gtaaaatgcc	caggagtcct	ggaagctacg	cggacttgca	900
	gagggttttat	tttttggcct	tagaatctgc	agaaattagg	aggcaccgag	cccagcgag	960
	cagcctcgga	cccggattgc	gtttgcctta	gcggatatgt	ttatacagat	gaatataaaa	1020
	tgtttttttc	tttgggcttt	ttgcttcttt	tttccccccc	ttctcacctt	cccttctccc	1080
	cgaccccacc	ccccaaaaa	gctacttctt	cattccgtgg	tacgattatt	ttttttaact	1140
	aaaggaagat	aaaattctat	attcttaaaa				1170

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 1259 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:23

```

10 ggagtatcca gataggcgac acgccggcgg ggggctgagg cgggaatggc tgctgtactg. 60
   cagcgcgtcg agcggctgtc caatcgagtc gtgcgtgtgt tgggctgtaa cccgggtccc 120
   atgaccctcc aaggcaccaa cacctaccta gtggggaccg gccccaggag aatcctcatt 180
   gacactggag aaccagcaat tccagaatac atcagctggt taaagcaggc tctaactgaa 240
   tttaacacag caatccagga aattgtagtg actcaactggc accgagatca ttctggaggc 300
15 ataggagata tttgtaaaaag catcaataat gacactacct attgcattaa aaaactccca 360
   cggaatccctc agagagaaga aattatagga aatggagagc aacaatatgt ttatctgaaa 420
   gatggagatg tgattaagac tgaggggagcc actctaagag ttctatatac ccctggccac 480
   actgatgata acatggctct actcttagaa gaggaatg ctatcttttc tggagattgc 540
   atcctagggg aaggaacaac ggtatttgaa gacctctatg attatatgaa ctctttaaaa 600
20 gagttattga aaatcaaagc tgatattata tatccaggac atggcccagt aattcataat 660
   gctgaagcta aaattcaaca atacatttct cacagaaata ttcgagagca gcaaattcct 720
   acattatttc gtgagaactt tgagaaatca tttacagtaa tggagcttgt aaaaattatt 780
   tacaagaata ctcttgagaa tttacatgaa atggctaaac ataatctctt acttcatttg 840
   aaaaaactag aaaaagaagg aaaaatatat agcaacacag atcctgacaa gaaatggaaa 900
25 gctcatcttt agtttcagat taaagaaagc tttgttttat tttgctttga gagaatggta 960
   tgttttctta actataggtt attttataga gaataaaaa gtataaaaaca ttaaaaataa1020
   ccctagatat actttaaaat aatgttatat ttatgctaaa atatgtaaat tacactatac1080
   aaccatatga taggttattt ctctaacctt gtcttctaac gttttaccaa aaattcataa1140
   tctaatagtt tatcagtttt caatagatta aataaaatga ttactttaaa aataataaaa1200
30 tttatctaata ttaaagttga aaaaattttt ggccgtagt tatctattac tagtgatca 1259

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 35 (A) LÄNGE: 1021 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

```

55 gcgttctctcc tccggccctc ggtcaccgcc agcacgcgcc tgcttcccgt ctgcgcgagt 60
   ccacgcagct ccccaggccc ttcaccagca cagcagcagc aggcattggca gcaagcgtgg 120

```

```

agcagcgcga gggcaccatc caggtgcagg gccaggccct cttcttccga gaggcctgc 180
ccggcagtg ggcaggtcgc ttctctgtac tgctgtgca tggattcgc ttctcctccg 240
agacctggca gaacctgggt acactgcaca ggctggccca ggctggctac cgggctgtgg 300
ccattgacct gccaggtctg gggcactcca aggaagcagc agccccctgcc cctattgggg 360
5 agctggcccc tggcagcttc ctggcggtg tgggtgatgc cttggagctg ggccccccgg 420
ttgtgatcag tccatcactg agtggcatgt actccctgcc cttcctcacg gccctgggt 480
cccagctccc gggctttgtg ccagtggccc ccactctgac tgacaaaatc aatgctgcca 540
actatgccag tgtgaagact ccagctctga ttgtatatgg agaccaggac cccatgggtc 600
agaccagctt tgagcacctg aagcagctgc ccaaccaccg ggtgctgatc atgaaggggg 660
10 cggggcacc ctgtttacct gacaaaccag aggagtggca tacagggtg ctggacttcc 720
tgcaggggct ccagtgaagc ccagcactgc tgcagggggt gggctgcctg cctgctctga 780
gctctctctt gcacgctctc tcttctctcc caggctctgg ctcatgcaca tgcaacaggt 840
gcgtctgtct atatgtctgg gttcttgtct tttgtggtct gtttgcctt tctacctct 900
tctcttgca tgatagactg agggggtaaa atcaagagga aaaaactctc aggaatcaag 960
15 gaacataatc ctgtggaggg taaaccatta catgaggctt ctcccgggtc gttcaagttt 1020
c 1021

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

```

agcaaaaggtt gccggagacc aagatcgga gcgtagaata cgaaggcatc gagttcattt 60
aactgaaaac cggctcaagg agcaaggcca tcaggactca gcttttataa aaacaagagg 120
agtgcacttt tgttttggtt tgttctttt ggaactgtgc ctgggttgga ggtctggaca 180
45 gggagcccag tcccgggccc catagtgtg cgggactgg acccccgggc cccacggagg 240
ccgcggtctg aactgctttc catgctgcca tctgggtgtg atttcggtca cttcaggcat 300
tgactcaagg cctgcctaac tggctgggtc gtttcttcca tccgacctcg tttcttttct 360
ttcctatgtt cttttgttca gtgaatatcc ctagagctcc taccatatgt caggccctat 420
gcctcaccct gagaacgcag tgggcatgag gtggacctgt ttgctgggaa cccaggtca 480
50 ccccttttct ttcctactct gtgctggag catcatgtcc acccctgcag atccttgaa 540
aagaaaatgt ttatgttgca gggatattga ttggtcacgag tgagggcagg cccctgggga 600
cacatctgcc cacagctgca caggccagg cgcaggcaca tctgttggtt ctcaggctc 660
agataaaacc atctccgcat catatggcca gtgaccgctt tctcccttca agaaaattct 720
gtggctgtgc agtactttga agtttttaatt attaacctgc tttaattaaa gcagtttct 780
55 ttcttataaa gtggaatcac caaatcttat cacacagagc acagtcctgt agttaccag 840
cccgtccag cagtgcggga gattgtaagg aagcgggtggc ggctggtgaa gcaagtctca 900
catgtcggcg ttcttgacca atggatacaa agataaagaa aatgttgccct ttttctagga 960
actgtcagaa atcctcatgc ctttcaagac ttctgtgaat gacttgaatt ttttattccc 1020
tgccatagggt ctgtgaacga ggccctgtctc ttccctgggg tttctttcca tggcctttat 1080

```

```

ttctcctctt ccagtg ttttgcaggc tcttctctgt ggaaac cgagcgttgg1140
ctgggcctcg gcttcgctgg agtgtactcc agggatgaagg cagagtggga tttgagaccc1200
aggttaggca cgacccaggc tgagaaggga cgtttccatc attcacagtg ccctccccac1260
agcactacct cagcccgagc cccaccctca ctctacccc accccgcgat cgtcaggggt1320
5 gccacggtgg gccggagggt gcccgcgtcg ggcttggttc tgttgccggt ccctgaaaaa1380
gcttttcccc ttttgaaatt caagcac 1407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 285 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

35

```

ctctcggttc cgctggcag cagctccgcc gccagaggc gtccgagacc ctccgactcg 60
tggttacgca taggcctcgc cagcgagcct tgcccaggca acgagtcgcc agcccgcccc120
ctcgccgcgg gctaggtctc acctcgccac cagtacgtct tggacaagta gtgccagggtc180
tgatgccggg tgtggtgagt gccgcccggg cccaggtgcg ccgcctcgat gaggtcccgg240
cgctcgctccg gctgcagcac cacctccagc tccgcgaagg tcttgc 286

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 815 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

cgccctcggtt gcaactgggtg ctggacagcc gacgcaacta caaatggggc ggagtttcgg 60
 cactggagca gctaatttgc atataggaat gagctccac aaacacgaga agttccagca120
 10 agttcgccac ttccggttct cctggctatc caatagcatc gaggggagca tccccggaag180
 tgaggcagcg gaggacgacc tttttccggt tccggcctgg cgagagtttg tgcggcgaca240
 tgaaactgct taccacaat ctgctgagct cgcattgtgc gggggtgggg tcccggtggct300
 tccccctgcg cctccaggcc accgaggtcc gtatctgccc tgtggaattc aacccaact360
 tcgtggcgcg tatgatacct aaagtggagt ggtcggcggt cctggaggcg gccgataact420
 15 tgcgtctgat ccagggtgcc aaagggccgg ttgagggata tgaggagaat gaggagtttc480
 tgaggaccat gcaccacctg ctgctggagg tggaaagtat agagggcacc ctgcagtgcc540
 cggaatctgg acgtatgttc cccatcagcc ggcggatccc caacatgctg ctgagtgaag600
 aggaaactga gagttgattg tgccaggcgc cagtttttct tgttatgact gtgtattttt660
 gttgatctat accctgtttc cgaattctgc cgtgtgtatc cccaaccctt gaccaatga720
 20 caccaaacac agtgtttttg agctcggat tatatatatt tttctcatta aaggttttaa780
 accaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaagt cgacg 815

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 548 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

tttctcgaac cttctctttt ctttcttttt tgcactgtgc aaatatattg actttatttg 60
 tctcctttca ggagcctcac agacatatcc aggtaaaaag atcgttaaat aaatgccttc120
 50 agccatcgca atgcaaaaat aaatatcaat cctccagacg cagtagcagc cgcgctgcgc180
 ccaaagtccc aacggccacg cctaacaatt ataaaagtgt ttagcgagag tgttggcgtg240
 agtgtgaatg ggtgtgcgct ggggggcacg gtggagcggt gtgcaaaatc ggagttgcaa300
 accatcggac aagggcattg agtggctacc cgccgccgac tcagcgcggg cgcgctccc360
 cgcacacact cacagcagag ttgcactgg gaagagttaa aaaataaaca ttacaagga420
 cgaggaaaag ggccccgctc ccggcgctcc cgggccaggc cgagcgcggc gagggcgca480
 55 ccgaccggtt cgcagcgggg cgggagtcgg aagcgcgcca ggagcgggcg gtcccggttc540
 cttgcggg 548

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 493 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29

```

gcaagatggc tgccttgaca ggggagattt tgcagcactc cagagcctgc tcaaggcctc 60
ctcgaaagat gttgtcagac agctgtgtca agaaagcttt tccagttcag cccttggctt120
gaaaaaactc ttggatgtta catgttccag cttgtctgtg acccaggagg aggcagagga180
actgctccag gctctgcacc gcctcactag gctgggtggca ttccgtgacc tgtcctctgc240
cgaggcaatt ctggctctct ttcagaaaaa tttccaccaa aacctcaaaa acctgctgac300
aaagatcatc ctagaacatg tgtctacttg gagaaccgaa gcccaggcaa atcagatctc360
tctgccacgc ctggctcgatc tggactggag agtggatatc aaaacctcct cagacagcat420
cagcgcgatg gccgttgccc cacctggcct ggttcagat ggaagggttc aaggagggttc480
ccaggctatg ggg                                     493

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1063 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

```

5  cgctccccc  tccaactctc  aaccacttct  tccagccagc  gccccagccc  tcccgcgcgc  60
   cgctcgagc  tcccagggag  cgcagactgt  gtccctgaca  atgggaacag  ccgacagtga  120
   tgagatggc  ccggaggccc  cacagcacac  ccacatcgat  gtgcacatcc  accaggagtc  180
   tgccctggc  aagctcctgc  tcacctgctg  ctctgcgctg  cggccccggg  ccaccaggcc  240
   caggggcagc  agccggctgc  tgggtggcctc  gtgggtgatg  cagatcgtgc  tggggatctt  300
10  gagtgcagtc  ctaggaggat  ttttctacat  ccgcgactac  accctcctcg  tcacctcggg  360
   agctgccatc  tggacagggg  ctgtggctgt  gctggctgga  gctgctgcct  tcatttacga  420
   gaaacggggt  ggtacatact  gggccctgct  gaggactctg  cttagcgtgg  cagctttctc  480
   cacagccatc  gctgccctca  aactttggaa  tgaagatttc  cgatatggct  actcttatta  540
   caacagtgcc  tgccgcatct  ccagctcgag  tgactggaac  actccagccc  ccactcagag  600
15  tccagaagaa  gtcagaaggc  tacacctatg  tacctccttc  atggacatgc  tgaaggcctt  660
   gttcagaacc  cttcaggcca  tgctcttggg  tgtctggatt  ctgctgcttc  tggcatctct  720
   ggccctctg  tggctgtact  gctggagaat  gttcccaacc  aaagggaaaa  gagaccagaa  780
   ggaaatgttg  gaagtgagtg  gaatctagcc  atgcctctcc  tgattattag  tgcttggtgc  840
   ttctgcaccg  ggcgtccctg  catctgactg  ctggaagaag  aaccagactg  agggaaaagag  900
20  gctcttcaac  agccccagtt  atcctggccc  catgaccgtg  gccacagccc  tgctccagca  960
   gcacttgccc  attccttaca  ccccttcccc  atcctgctcc  gcttcatgtc  cctcctgag  1020
   tagtcatgtg  ataataaact  ctcatgttat  tgttcccaaa  aaa  1063

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 472 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

```

   cggtctgagc  cggtcgcatg  gggcgggggc  tggcgcggtc  cctgttgctc  ctccgggtct  60
   cggtcgggcg  gcccgcgccg  gcaggtgcag  cgaagatgaa  ggtgggtggg  gagcccaacg  120
50  cgtttggggt  gaacaacccg  ttcttgccct  aggccagtcg  cctccaggcc  aagagggatc  180
   cttcacccgt  gtctggacc  gtgcattctc  tccgactctc  gggcaagtgc  ttcagcctgg  240
   tggagtccac  gtacaagtat  gagttctgcc  cgttccacaa  cgtgaccag  cagcagcaga  300
   ccttccgctg  gaacgcctac  agtgggatcc  tcggcatctg  gcacgagtgg  gagatcgcca  360
   acaacacctt  cagggcatg  tggatgaggg  acggtgacga  ctgccgttcc  cggagccggc  420
55  agagcaagg  ggagctggcg  tgtgcgagcc  cgagcaactg  cgtctaagg  gt  472

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2568 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

25 catctctctg cagtgccttc ctgcctgtg cagcccgccg acccacaggc tcacccctcc 60
 tgccgggtgc cagaagcccc ctccagcagg gcctctctcc gtggccccag cttcactctc 120
 tccctcagca catgccttgc tggaggcccc agccctccgt ggacagcagg ggccacgtgg 180
 agcccgggcc gctcaccgcg gaccagtgcc tggccgcctt cttggtgcca aaccccttc 240
 cccacccag agactgggca gctgtgtctg gtctgttctt tgcactaacc acatttgtca 300
 tctctagggc aggtggggc tgcgggtga gggggaccgc tggcaccctc cttccctccc 360
 30 ttcttggttc catttccatc catgacaggt acagcatccc aggagcccgg cctgaggggc 420
 tggaccogag ccggctgtga acatccctca gccctgtctg tcccccttg ggactaacca 480
 ctaacctcac ccccaaactc cacgggtgcc cctagctggc ccagagccgg cagtgtgagc 540
 ccaagtccgg gctggagccg aggcgggagc agctgtctgg gactcaaggc tgcagttagc 600
 tttcttcatg ggggtgtcca ggggggtgca cagaccgaca ggcagcccaa gggcctggag 660
 35 accctcccc aggcaggtgc tgccccagga ggactgtcct cgggaatgaa cctcccgcgg 720
 gctttggact gaggtccctg tggcctcggt ctccctccca tgaagtggga gcgaggctcc 780
 ccaatggtgc ttttggcttt agtgtacgat gtttgtctgt cttcccgcgg tggagggcag 840
 agccacccca catcaggatc ggacgtgcta cccctcccg tcccggccct ggcccagcca 900
 gccagccct cgaggctcga tgctgtgcc aaggccaggg gcagccagag ggcagctgga 960
 tggccacgtg caggggtcaa ggctgggccc tgcagtgggg cgggcccgca gcccagcag 1020
 tttacagacg catggtctct cctcccagag cagccggcag ctacctggac cggaaatgtc 1080
 ctcatccctt cctggggccc aggtctgtcc ctggccttcc tctgtgaacc cctcctttct 1140
 ttgtgtctgt gtctgggacc aaaaaggggg aatatgggag ggagagtggt ggaggggagt 1200
 ccatgggcct ggggccccaa gccggggcgt ctgagctccc caggcatgac caaacctcag 1260
 45 tggaggggcc tctgcttcag gcccgccgt gctgacattc tgagccccc tcggaggccc 1320
 cgccacagcc aacctgccc gtctttcttc tgggcttgac ccgccaggga gttctccagg 1380
 cctagggcca ggagagaggc cctggcacc tggcgtgggt gcccgcctaa cgccctgcga 1440
 ccgctcagaa gcacaaatgc tgtccatggc cgtgaggctg cctgccaggt gaatggacat 1500
 agcgtgagag gcggtgaggc cagggcttcc agcctcgtgc tgtctcgga ctctgaccg 1560
 50 tgggtgtcgt gtgtgcccgt ctgtgacttt ctactacca aggttgaaga aaggaaacgg 1620
 ggaaaatcaa aaggggttca aacccacct cagtagtggt aggggagcgc ctgccattgg 1680
 ttgtattttt gttctgagtt ttccgtgccc tgctcctaac tactccatcc catgacctcg 1740
 ccacacctac tggggcatct ggctgggtgc tgctgcatg gccagcccc actctaccc 1800
 tgcacagggg gtcttgacg cccagggccc acagcctcgt tgggaggaca ggggtggcct 1860
 55 ggggacaaga gggaggagcc caggggctta cctcactgag agtgctcccc agcaggcatc 1920
 cactacccca gggcccccca catgtcatgg caaggttggg agtgaatggg cctggttggg 1980
 agcagccctt ggccatttgc ccacccaccc atctcactat gcaattcgag ttccaagcaa 2040
 catttgctcc tgccctgggg ccagctctgc ccagccctg agaggggtgg tgaggcagcc 2100
 ccctggaccc cagaacccca gacaaggggg caggcggggg accagggcct ctccgtggg 2160

atctttggtt tgtgtttaac cataatggtt gtgtactgaa ccacttcata tttgttatat2220
 ataatatata tatatataat ctctttaaga ctccagctcc tggtttaccc ccccggcctg2280
 ggcacatgac ctccccacc ccagtgtgat ttaacatcca ggaactgagg cctgaaccat2340
 tttgcatttc cccctcctcc agcctctgta gggccatggc tgtatgtact gtcgctgtgt2400
 5 ttttttgttt ttttagaact ggggttgggg gctgattttt atttcttttg gggctttttt2460
 tcttggcaaa tactaaaaat ctcgatcaatg taatttctgt ggtttctatt cagcttgggt2520
 ttcattgtttt aaaataaatt ttaaaaagca aaaaaaaaaa aaaaaaaa 2568

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 239 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

cgcgatggcg gcggggctgg cgcggtcct gttgctctc gggctctcgg ccggcgggcc 60
 cgcgccggca ggtgcagcga agatgaaggt ggtggaggag cccaacgcgt ttgggtgagc120
 35 agcctcgcg gctggcggt cgagcgggg acggcccgg ccggttcccc gctgaccttg180
 ccgcttcccg taggtggaac aaccggttct tgcttcagga cagtcgcctc caggccaag 239

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 482 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ctccaagctt ggccctggcca acactcggtt ggcagaatga tcacctccgt tgtttcaggt 60
 actctgtgtt tttttatgca acagttcatg taaaatggag acgaggccag aagaatcctt120
 10 gagcagacag agccagttgg gcctcctaag tgaccttaac cttgcttgat ttgcaagcat180
 gtctgaaact ttatttgtgg tatttcttgt aaatgcctat gttaaagaaa cacagaactt240
 aagctcaacc aatcagaagc agccaacaaa aacgtaatta gtaactagga cttcctcatg300
 ggatagacca aataaggcaa ctgtataact gtgtaactgt ataactgtaa ccaatgaaat360
 attatctttg cttttatcta tttgtcctaa aaagcctcct cctcatgttc tctctgggga420
 15 gctccctagc cacttctgga tcaactgtca aataaactct taaatatttt aaaaaaaaaa480
 aa 482

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 641 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

gagagcagta ggtgtttagca gcttggtcgc gacaggggag ctaggtagag cgccgggacc 60
 tgtgacaggg ctggttagcag cgcagaggaa aggcggcctt tagccaggta tttcagtgtc120
 tgtagacaag atggaatcat ctccatttaa tagacggcaa tggacctcac tatcattgag180
 45 ggtaacagcc aaagaacttt ctcttgtaa caagaacaag tcacgggcta ttgtggaaat240
 attctccaag taccagaaag cagctgaaga aacaaacatg gagaagaaga gaagtaacac300
 cgaaaatctc tcccagcact ttagaaaagg gaccctgact gtgttaaaga agaagtggga360
 gaacccaggg ctgggagcag agtctcacac agactctcta cggaacagca gcactgagat420
 taggcacaga gcagaccatc ctcttgctga agtgacaagc cacgctgctt ctggagccaa480
 50 agctgaccaa gaagaacaaa tccaccccag atctagactc atgtcacctc ctgaagccct540
 cgttcagggt cgatatcccc acatcaagga cggtaggat cttaagacc actcaacaga600
 aagtaaaaaa atggaaaatt gtctaggaga atccaggcat g 641

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 381 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

25

```

aagttgatga cctacgctct tactttctgct tgccaggagt aactgaaagc aaacaccaca 60
gtctgttggt tattagcttt taaaggcttg tcaacattcc ttgttaacaa tttctttttg120
ggtagccttt tataaaatgc gtaggtgatg agtgatccag cagacaaggc ggctcgagcc180
gattcggctc gagcggctcg aggtaaaaga aaaaaaatg tggaggaaaa catggcctac240
tcagctttga tggaaagtggc tggttactgc ttaatagaga gaatgctttg gaatcctatg300
ttgaaaataa aaagtgtttg gttgtgcagt tatgcggtca tggtcattcc cagacagttg360
gctaagggtt agtggtcctc t                                     381

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1539 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

```

ctggggacag gaagccccc taccattatg gtcggggcat gaatccccc gacaaaaccag 60
cctggggccg agaggtaaaa gagagaacaa ggatgaacaa gcagcagaac tctcccttgg 120
ccaagagcaa gccaggcagc acggggcctg agccccccag cccccaggcc tccccagggc 180
ccccaggcct cccttgggccc cccaaaccct accacaaatt catggccttc aagtcctttg 240
5 ccgacctccc ccaccgcctt ctgctggtcg acctgacagt agaggagggg cagcggctca 300
aggctcatcta tggctccagt gctggcttcc atgctgtgga tgtcgactcg gggaacagct 360
atgacatcta catccctgtg cacatccaga gccagatcac gccccatgcc atcatcttcc 420
tccccaacac cgacggcatg gagatgctgc tgtgctacga ggacgagggg gtctacgtca 480
acacgtacgg ggcgcatcatt aaggatgtgg tgctgcagtg gggggagatg cctacttctg 540
10 tggcctacat ctgctccaac cagataatgg gctgggggtga gaaagccatt gagatccgct 600
ctgtggagac gggccacctc gacgggggtct tcatgcacaa acgagctcag aggctcaagt 660
tctgtgtgta gcggaatgac aagggtgtttt ttgcctcagt ccgctctggg ggcagcagcc 720
aagtttactt catgactctg aaccgtaact gcatcatgaa ctggtgacgg ggccctgggc 780
tggggctgtc ccacactgga cccagctctc cccctgcagc caggcttccc gggccgcccc 840
15 tctttcccct ccctgggctt ttgcttttac tggtttgatt tcaactggagc ctgctgggaa 900
cgtgacctct gaccctgat gctttcgtga tcactgacc atcctcttcc ccaacatgtc 960
ctcttcccaa aactgtgctt gtccccagct tctggggagg gacacagctt ccccttccca1020
ggaattgagt gggcctagcc cctccccctt tttctccatt tgagaggaga gtgcttgggg1080
cttgaacccc ttaccccaact gctgctgact gggcagggcc ctggaccctt ttatttgcac1140
20 gtcaggggag cgggctcccc ccttgaatgt accagaccct gggggggggtc actgggcccct1200
agatttttgg ggggtcacca gccactccag gggcagggac catttcttca ttttctgaaa1260
gcactttaat gattccccctg cccccaaact ccaggggaatg gaggggggag cccgccagcc1320
aaaacatgcc ccccatcccg gacccccctc tctcttctta gcccagccc ttccccgggt1380
gagggagggg gcagggagcc ctcactctcc acgccccttg cttgcatccg catatagtgt1440
gagcagcaag taacccttct cctccttccc cagtacccc tctcaatgt agtggccttg1500
aattgtcttt attaacaaac aggatatcca aggtcgagc 1539

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2195 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

55

```

gctccgagga aggcctgtgg gagtctcgga gacgtgtctg tctgtgaggg gctgggtgca 60
cgtccccagg gctctgggct aggaaggcag cggcgagggt cctccccacg taacctctgc 120
gggcccagcc gagcaacgtg gggcggaagg ggcggcgaa gcccgggctg ggagcggttg 180
cggccggagt ccagccatg gcggagtctg tggagcgcc gacgagcgg gtccaggagc 240
tggagcggga acttgcccag gagaggagtc tgcagggtccc gaggagcggc gacggagggg 300
gcggccgggt ccgcatcgag aagatgagct cagagggtgg ggattcgaat cctacagcc 360
gcttgatggc attgaaacga atgggaattg taagcgacta tgagaaaatc cgtacctttg 420
ccgtagcaat agtaggtgtt ggtggagtag gtagtgtgac tgctgaaatg ctgacaagat 480

```

```

gtggcattgg taagttgcta ctcttttgatt atgacaaggt ggaactagcc aatatgaata 540
gacttttctt ccaacctcat caagcaggat taagtaaagt tcaagcagca gaacatactc 600
tgaggaacat taatcctgat gttctttttg aagtacacaa ctataatata accacagtgg 660
aaaactttca acatttcatg gatagaataa gtaatgggtg gttagaagaa ggaaaacctg 720
5 ttgatctagt tcttagctgt gtggacaatt ttgaagctcg aatgacaata aatacagctt 780
gtaatgaact tggacaaaca tggatggaat ctgggggtcag tgaaaatgca gtttcagggc 840
atatacagct tataattcct ggagaatctg cttgttttgc gtgtgctcca ccacttgtag 900
ttgctgcaaa tattgatgaa aagactctga aacgagaagg tgtttgtgca gccagtcttc 960
ctaccactat ggggtgtggt gctgggatct tagtacaaaa cgtgttaaag tttctgttaa1020
10 attttggtac tgttagtttt taccttggat acaatgcaat gcaggatttt tttcctacta1080
tgtccatgaa gccaaatcct cagtgtgatg acagaaattg caggaagcag caggaggaat1140
ataagaaaaa ggtagcagca ctgcctaaac aagaggttat acaagaagag gaagagataa1200
tccatgaaga taatgaatgg ggtattgagc tggatatctga ggtttcagaa gaggaactga1260
aaaatttttc aggtccagtt ccagacttac ctgaaggaat tacagtggca tacacaattc1320
15 caaaaaagca agaagattct gtcactgagt taacagtgga agattctggt gaaagcttgg1380
aagacctcat ggccaaaatg aagaatatgt agataatgga ctgggatata ttgtatttct1440
catgttaaag cctcttcctt tgaaattaaa aaaaaatttt aactgataaa acttagggca1500
acattaatta atgtatatcc ttacctgaat tttataactt tttgaaaatc ctgtgacttg1560
cctgtttctc cccgctccaa cgaaatcatt aactctccta aaatgtgttt cattctagta1620
20 agaaaacctc aaaggatatt gtaggatata aatcttactt gaaaacatag ctgttgaaat1680
gttttgacct tttggagtgg gggaaggaca aatctgatcc tgtaatcttt ttctttccag1740
taatcccttg tgtctgttgc atgaggacat ggacaataaa gtagtatatg atcctcagat1800
acagggagaa ggacaaggca tacagcttat tgattagagc tggcaagcat ctgctcatta1860
tgtttggaat tgctttctat aagaaaattg cccactacta ctaacttgat caacaatgaa1920
ttcaaaatag ttaacctatg aaataacatc ctctcaaatg tttgctgatg aagtacaagt1980
tgaaatgtag ttattgaaa agtctgtaac ctgtggatca tatatattca aagtgagaca2040
aaggcaata aaaagcagct attttcatga atagaaaaaa aaaaaatttc aggaagtata2100
aattatattc tgcaccgaac aaggaacaga aattattgca tctgtggaag catatatctg2160
ggagttacta ttactttact ggaagggcca agggc 2195
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1409 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

```

55 gtttgctgtc ctttttttaa ggattccaag ccatgtgaaa ttcccttctg gatgtgattc 60
tgggtcgcaa gtccttattt atatgtgagg ctgggggaat ggctgggggt attggcagtc 120
cttttgacagg gcagtgtgtg tgggtgggtg acaccgctgt ggcttagccc aagacactcc 180
cagaggaaaa cactgcagaa ggaactggtt tgcagactgt ggaaggatct gcagttttgt 240
ttttgaccaa aaaaataata ataagtttag tctgaagggc agagggaata cccaagcccc 300

```

```

5  tgatgcctat gagaagt tggacttcaa cctcctgtt gtttgg agcccagagg 360
   gagctgctca cctgagcacc cttgggggtg ggcagagagg cagggtggga ttttagagtt 420
   agtgtctgtg cgggggcagc cctgagcctg gagttgagac tttgggtctt cttagtttgg 480
   aggtgttgag tgcatttgtg cccctgcctg gttgagagct tcttggtacc tcttgccacc 540
10 ccttctcact gccctgaccc aacccactg gaccttgatg ctgagaggag tgggtgctctg 600
   acggactcag cactcccgcc tgatgtattg gatcatagga gagcacttgc tctcctgcct 660
   ctgccaggag agggcttggt cctccaactc taggaggcca ggcaagcatg gacaggagcc 720
   aaggagcag ggtcattaac tttttcttct ttgcaaagtg ggcacttggc atcagggtcc 780
   caatcaccag aaagcaccaa agcccctggc accccaccca ctccatccta cccagggacc 840
15 ccaagtaggc aactgttatg gcagtgggtc cagcccaggc cagcactgcc agcctcctct 900
   cctgcagta ggcaccagct ctacctcccc cggcaggcaa tgtcctggct tctcagccca 960
   gcaccatctg ttcccctaga cttctcaggg gccagcccag tctggggccac cctttgtttc1020
   cctcatcctc ggctcccaca caggtgacag acccagcaga tagcttctct ctgggaaagg1080
   ttggatgctg ccttacatcc ccttctagcc ctctcccat ccacacacac aggcacccac1140
20 ccacaccagg tcggcttggt tctcacatgt agggagagag gggagaccaa cccctttgtg1200
   tcttttgaag tacgaagaaa aatgtgtgtt caggagcatg actccagtgc tgcgctcttg1260
   ggccatgttc agtctgtctt gtctcaaate taggcatttt tgcttcaatt ttattttttt1320
   taaaacattt ttttgggtgt cccgttggtg ttggaataat ttggctaaca ttggtaaaag1380
   gtaagggggg taaaatataa ggtaatttt 1409

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1084 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

```

45  ggaatcttta agcaatcata cggggaaaaa gggcccatca ccttcaaagg agccacaatt 60
   agactcctca acagacatga ttgaggctgg aagataaggg aatggtatct tcttcaaagc 120
   cgaaagaata ggaccacacc tgccaggatt tgggtgttta aatataaatc tgatcacccc 180
   cctgcttaga acccttctgc tttctattac cctcattta aaatgtaaac tcttcacctt 240
   gggttatgag aactggttct tgccctcccc ttgaacctca ttaaattggtg atttcttgc 300
50  aagctccagc ccgagtgggc tccctctcagc ttctaatttt gtgctcttcc ctgccctttt 360
   cctgggcctt ctgagctctc caccctccacc actcttgact cagggtgggtg ccttcttctt 420
   caagtcttga caattcccg gccccttcagt cctgagcag tctacttctg tgtctgtcac 480
   cacatcttgt cttttccctt cattgcattt attgcagttt atatatatgc tacttttact 540
   tgttcatttc tgtctccctt accaggctgt aaatgagggc agaaaccttg tttgttttat 600
55  tcaccatcat gtaccaagtg cttggcacat agtgggcctt cattaaatgt ttgttgaata 660
   aaagagggaa gaaggcaagc caaccttagc tacaatccta ccttttgata aaatgttctt 720
   tttgacaata tacacggatt attatttgta ctttgttttt ccatgtgttt tgcttttacc 780
   cactggcatt tttagctcct tgaagacata tcatgtgtga gataacttcc ttcacatctc 840
   ccatgggtccc tagcaaaatg ctaggcctgt agtagtcaag gtgctcaata aatatttgtt 900

```

tgggtgggtt gtgagccttg ctgccaagtc ctgcctttgg gtcgacatag tatggaagta 960
 tttgagagag agaacctttc cactcccact gccaggattt tgtattgcca tcgggtgccal020
 aataaatgct catattttatt aaacaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1080
 aaaa 1084

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

tccctggctga ttcttttccct ggcagttccc cttatgaggg ttacaactat ggctcctttg 60
 agaatgtttc tggatctacc gatggtctgg ttgacagcgc tggcactggg gacctctctg 120
 acggttacca gggccgctcc tttgaaccgg taggtactcg gccccgagtg gactccatga 180
 gctctgtgga ggaggatgac tacgacacat tgaccgacat cgattccgac aagaatgtca 240
 ttgcgaccaa gcaatacctc tatgtggctg acctggcacg gaaggacaag cgtgttctgc 300
 ggaaaaagta ccagatctac ttctggaaca ttgccaccat tgctgtcttc tatgcccttc 360
 ctgtggtgca gctggtgatc acctaccaga cgggtggtgaa tgtcacaggg aatcaggaca 420
 tctgtacta caacttcttc tgcgcccacc cactgggcaa tctcagcgcc ttcaacaaca 480
 tcctcagcaa cctgggggtac atcctgctgg ggetgctttt cctgctcatc atcctgcaac 540
 gggagatcaa ccacaaccgg gccctgctgc gcaatgacct ctgtgccctg gaatgtggga 600
 tccccaaaca ctttgggctt ttctacgcca tgggcacagc cctgatgatg gaggggctgc 660
 tcagtgttg cgatcatgtg tgcccaact ataccaattt ccagtttgac acatcggtca 720
 tgtacatgat cgccggactc tgcagtctga agctctacca gaagcggcac ccggacatca 780
 acgcagcgc ctacagtgcc tacgctgcc tggccattgt catcttcttc tctgtgctgg 840
 gcgtggtctt tggcaaaggg aacacggcgt tctggatcgt cttctccatc attcacatca 900
 tcgccaccct gctcctcagc acgcagctct attacatggg ccggtggaaa ctggactcgg 960
 ggatcttccg ccgcatcctc cacgtgctct acacagactg catccggcag tgcagcgggc1020
 cgctctacgt ggaccgcatg gtgctgctgg tcatgggcaa cgtcatcaac tggctcgtgg1080
 ctgcctatgg gcttatcatg cgccccaatg atttgccttc ctacttgttg gccattggca1140
 tetgcaacct gctcctttac ttgccttct acatcatcat gaagctccgg agtggggaga1200
 ggatcaagct catccccctg ctctgcactc ttgacacct cgtggtctgg ggcttcgcgc1260
 tcttcttctt cttccaggga ctccagacct ggcagaaaac ccctgcagag tcgagggagc1320
 acaaccggga ctgcatcctc ctgcacttct ttgacgacca cgacatctgg cacttctct1380
 cctccatcgc catgttcggg tccctcctgg tgttgctgac actggatgac gacctggata1440
 ctgtgcagcg ggacaagatc tatgtcttct agcaggagct gggcccttcg cttcacctca1500
 agggggcctg agctcctttg tgtcatagac cgtcactct gtcgtgctgt ggggatgagt1560
 ccagcaccg ctgcccagca ctggatggca gcaggacagc caggtctagc ttaggcttgg1620
 cctgggacag ccatgggggtg gcatggaacc ttgcagctgc cctctgccga ggagcaggcc1680
 tgctcccctg ggacccccag atgttgcca aattgctgct ttcttctcag tgttggggccc1740
 ttccatgggc ccctgtcctt tggctctcca tttgtccctt tgcaagagga aggatggaag1800

```

ggacaccctc cccatttcat gccttgcat ttgcccgctc tctctc aatgccccag1860
cctgggacct aaggcctctt ttctctccca tactccact ccagggccta gtctggggcc1920
tgaatctctg tcctgtatca gggccccagt tctctttggg ctgtccctgg ctgccatcac1980
tgccatttcc agtcagccag gatggatggg ggtatgagat tttgggggtt ggccagctgg2040
5  tgccagactt ttggtgctaa ggcctgcaag gggcctgggg cagtgcgtat tctcttccct2100
ctgacctgtg ctgagggtg gctcttttagc aatgcgctca gccaatttg agaaccgcct2160
tctgattcaa gaggtgaat tcagaggtca cctcttcac ccacagctc ccagactgat2220
gccagcacca ggactggagg gagaagcgcc tcaccttc ccttcttct tccaggccc2280
ttagtcttgc caaacccag ctggtggcct ttcagtcca ttgacactgc ccaagaatgt2340
10 ccaggggcaa aggagggatg atacagagt cagcccgttc tgctccata gctgtgggca2400
ccccagtgc taccttagaa agggccttca ggaagggatg tgctgttcc ctctacgtgc2460
ccagtcttag cctcgctcta ggaccaggg ctggcttcta agtttccgtc cagtcttcag2520
gcaagtctg tgttagtcat gcacacacat acctatgaaa ccttgagtt taaaaagaat2580
tgccccagct ctgggcaccc tggccacct ggctcttggg tcccttcgt cccacctggg2640
15 ccaccccaga tgctgaggat gggggagctc aggcggggcc tctgctttgg ggatgggaat2700
gtgtttttct cccaaacttg tttttatagc tctgcttgaa gggctgggag atgagggtggg2760
tctggatctt ttctcagagc gtctccatgc tatggttgca tttccgttt ctatgaatga2820
atctgcatc aataaacaac cagactcaga taacaaaaaa 2860

```

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2137 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

```

gtccgctttc gtctccgtcc tgctgccgtt accgcgctg ctgccgccgc ttgcgtcccc 60
45 cgctccgggtc tgtggtgcag ccgggaccca ggaccatgtc tctgtctcgc tcagaggaga 120
tgcaccgggt caccgaaaat gtctataaga ccatcatgga gcagttcaac cctagcctcc 180
ggaacttcat cgccatgggg aagaattacg agaaggcact ggcaggtgtg acgtatgcag 240
ccaaaggcta ctttgacgcc ctggtgaaga tgggggagct ggccagcgag agccagggct 300
ccaaagaact cggagacgtt ctcttccaga tggctgaagt ccacaggcag atccagaatc 360
50 agctggaaga aatgctgaag tcttttcaca acgagctgct tacgcagctg gagcagaagg 420
tggagctgga ctccaggat ctgagtgtc cgctgaagaa ataccagact gagcaaagga 480
gcaaaggcga cgccctggac aagtgtcagg ctgagctgaa gaagcttcgg aagaagagcc 540
agggcagcaa gaatcctcag aagtactcgg acaaggagct gcagtacatc gacgccatca 600
gcaacaagca gggcgagctg gagaattacg tgtccgacgg ctacaagacc gactgacag 660
55 aggagcgag gcgcttctgc ttctgtgtg agaagcagtg cgccgtggcc aagaactccg 720
cgccctacca ctccaagggc aaggagctgc tggcgagaa gctgccgctg tggcaacagg 780
cctgtgccga cccagcaag atcccggagc gcgcggtgca gctcatgcag caggtggcca 840
gcaacggcgc caccctcccc agcgccctgt cgccctccaa gtccaacctg gtcatttcgg 900
acccattcc gggggccaag ccctgcccgg tgccccccga gctggcaccg ttcgtggggc 960

```



```

ggatgtctgc ccaggagagc acacccatca tgaacggcgt cacaggcccg gatggcgagg1020
actacagccc gtgggctgac cgcaaggctg cccagcccaa atccctgtct cctccgcagt1080
ctcagagcaa gctcagcgac tctactcca acacactccc cgtgcgcaag agcgtgaccc1140
caaaaaacag ctatgccacc accgagaaca agactctgcc tcgctcgagc tccatggcag1200
5 cccgcctgga gcgcaatggc cgtatgcggg tgaaggccat cttctccac gctgctgggg1260
acaacagcac cctcctgagc ttcaaggagg gtgacctcat taccctgctg gtgcctgagg1320
cccgcgatgg ctggcactac ggagagagtg agaagaccaa gatgcggggc tggtttccct1380
tctcctacac ccgggtcttg gacagcgatg gcagtgcacg gctgcacatg agcctgcagc1440
aagggaagag cagcagcacg ggcaacctcc tggacaagga cgacctggcc atcccccccc1500
10 ccgattacgg cgccgcctcc cgggccttcc ccgcccagac ggccagcggc ttcaagcaga1560
ggccctacag tgtggcctg cccgccttct cccagggcct ggatgactat ggagcgcggt1620
ccatgagcag cgccgatgtg gaagtggcca gattctgagc cgctgacta gagttagaat1680
ccctttgccc acgtccagct gaagccgaca gtgaccaacg acaggtctgc cccctcctc1740
agctgatggc cacatctgca gtgctgcca tctggtggct tcccccgccc tcccatgta1800
15 gcctgttctg tcatcatctg tgcgttcttg ttagagaac atccaggccc cggtgcctg1860
gtcttgcccc acttgagtct ggctggact ggatcccagc tgttctaggc agggccgggc1920
agagtggggc gcaggccct gaaggcgag acccagtggc tgggctgccc agggctgagg1980
ggccgcctct tgagggtaca cgctctggt cacatggcca tggagccttg ggtaccctg2040
agttaaggga ggacatttg ccagctggt gctgggagg gagcctggct gccctgctgc2100
20 ttctcctgcc taataaacag gcttctctg caaaaaa 2137

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2410 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

```

45 ttgagcagac acaggtgcag gcagtgggtga ctctacaggc cctgctattc cgggcccttt 60
tgcaacgttg tggcaacaat aaaattttga cgtagccatc ctccatttg aagtctggtg 120
gctggtttgc cgtggaaatg accctgtttt tatttccaga attacctctg ggtttagaga 180
agtggttttt aaacgagtgt gggtaaaaaa aattacctga ggtacttgct agagtgcgag 240
50 acttctaggc cccaccagc tctcatcaat cagtttagtg aggtggtg cccaggaact 300
gatttttaaac ataccctag aaagattctg atacaggtag aggtgagaag cctggttta 360
gaggcagctc ggctccctt catggtggga ccagggccag cagggaatgt caggccacc 420
cctgaccttc actgtgactt ctggcttgca gaggtgggcc cgggaggaga tgggtggagg 480
agctcaacag cgggaagggt atgtacgct tctgcagagt gaaggacccc aactctggac 540
55 tgcccaaatt tgtcctcatc aactggacag gcgagggcgt gaacgatgtg cggaaggagg 600
cctgtgccag ccacgtcagc accatggcca gcttctgaa gggggcccat gtgaccatca 660
acgcacgggc cgaggaggat gtggagcctg agtgcacat ggagaagggt gccaaaggctt 720
caggtgccaa ctacagcttt cacaaggaga gtggccgctt ccaggacgtg ggacccagg 780
ccccagtggt ctctgtgtac cagaagacca atgccgtgtc tgagattaaa agggttggtg 840

```

```

aagacagctt ctgggc      gcagagaagg aggaggagaa ccgtc      gaggaaaagc 900
ggcggggccga ggaggcacag cggcagtgga gcaggagcgc cgggagcgtg agtgcgtag 960
gctgcacgcc  gggagcagcg ctatcaggag cagggtggcg aggccagccc ccagaggacg1020
tgggagcagc  agcaagaagt ggtttcaagg aaccgaaatg agcaggagtc tgccgtgcac1080
5  ccgagggaga ttttcaagca gaaggagagg gccatgtcca ccacctccat ctccagtcct1140
cagcctggca  agctgaggag ccccttcctg cagaagcagc tcacccaacc agagacccac1200
tttggcagag  agccagctgc tgccatctca agggccaggg cagatctccc tgctgaggag1260
ccggcgccca  gcactcctcc atgtctggtg caggcagaag aggaggctgt gtatgaggaa1320
cctccagagc  aggagacctt ctacgagcag cccccactgg tgcagcagca aggtgctggc1380
10 tctgagcaca ttgaccacca cattcagggc caggggtca  gtgggcaagg gctctgtgcc1440
cgtgccctgt  acgactacca ggcagccgac gacacagaga tctcctttga ccccgagaac1500
ctcatcacgg  gcatcgaggt gatcgacgaa ggctggtggc gtggctatgg gccggatggc1560
catttttgga  tgttccctgc caactacgtg gagctcattg agtgaggctg agggcacatc1620
ttgcccttcc  cctctcagac atggcttcc  tattgctgga agaggaggcc tgggagttga1680
15 cattcagcac tcttccagga ataggacccc cagtgaggat gaggcctcag ggctccctcc1740
ggcttggcag  actcagcctg tcaccccaaa tgcagcaatg gcctggtgat tcccacacat1800
ccttcctgca  tcccccgacc ctcccagaca gcttggtct  tgccctgac  aggatactga1860
gccaagccct  gcctgtggcc aagccctgag tggccactgc caagctgcgg ggaagggtcc1920
tgagcagggg  catctgggag gctctggctg ccttctgcat ttatttgct  ttttctttt1980
20 tctcttgctt ctaaggggtg gtggccacca ctgtttagaa tgacccttg  gaacagtga2040
cgtagagaat  tgtttttagc agagtttggt accaaagtca gagtggatca tgggtggttg2100
gcagcagggg  atttgtcttg ttggagcctg ctctgtgctc cccactccat ttctctgtcc2160
ctctgcctgg  gctatgggaa gtggggatgc agatggccaa gctcccaccc tgggtattca2220
aaaacggcag  acacaacatg ttctccacg  cggctcactc gatgcctgca ggcccagtg2280
tgtgcctcaa  ctgattctga cttcaggaaa agtaacacag agtggccttg gcctgtgtgc2340
ttccctatt  ttctgtccca gctcatcctg gtctctgaag aacaaatatg cttttggacc2400
aaaaaaaaa                                     2410

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44.

55

```

tgaaaaatgc ggacagtata ttccagaaagg ctattccaag ctcaagatat ataattgtga 60
actagaaaaat gtagcagaat ttgagggcct gacagacttc tcagatacgt tcaagttgta 120
ccgaggcaag  tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtggtt ggagagttta agggctcctt 180
tcggatctac  cctctgccgg atgaccccag cgtgccagcc cctcccagac agtttcggga 240
attacctgac  agcgtccac  aggaatgcac ggtaggatt  tacattgttc gaggcttaga 300
gctccagccc  caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataa cactgggcaa 360
aaaagtcatt  gaagaccgag atcactacat tcccaacact ctcaaccag  tctttggcag 420

```

```

gatgtacgaa ctgagctgct acttacctca agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480
ttatgacacc tttacccggg atgaaaaagt aggagaaaca attattgac tggaaaaccg 540
attcctttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtg tttctggagt 600
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgctt caaaatgtcg ccagattcaa 660
5 aggcttccca caacccatcc tttccgaaga tgggagtaga atcagatatg gaggacgaga 720
ctacagcttg gatgaatttg aagccaacaa aatcctgcac cagcacctcg gggcccctga 780
agagcggctt gctcttcaca tcctcaggac tcaggggctg gtccctgagc acgtggaaac 840
aaggactttg cacagcacct tccagcccaa catttcccag ggaaaacttc agatgtgggt 900
ggatgttttc cccaagagtt tggggccacc aggccctcct ttcaacatca cccccggaa 960
10 agccaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggaacacc aaggacgtta tcttgacga1020
gaaaagcatc acaggagagg aaatgagtga catctacgtc aaaggctgga ttcctggcaal080
tgaagaaaac aaacagaaaa cagatgtcca ttacagatct ttggatggtg aagggaattt1140
taactggcga tttgttttcc cgtttgacta ccttccagcc gaacaactct gtatcgttgc1200
gaaaaaagag catttctgga gtattgacca aacggaattt cgaatcccac ccaggctgat1260
15 cattcagata tgggacaatg acaagttttc tctggatgac tacttgggtt tcctagaact1320
tgacttgctg cacacgatca ttctgcgaaa agcaccagag aaatgcaggt tggacatgat1380
tccggacctc aaagccatga acccccttaa agccaagaca gcctccctct ttgagcagaa1440
gtccatgaaa ggatgggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg1500
gaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gccgacgaga ggccagccgg1560
20 gaaggggcgg gacgaacca acatgaaccc caagctggac ttaccaaadc gaccagaaac1620
ctccttctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcacgtgtg ggcgcgctt1680
taagtgggtc atcatcggct tgctgttcc tcttatcctg ctgctcttcg tggcgtgct1740
cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgta aagccaaatg tgtaacaaag1800
gcaaaggctt catttcaaga gtcattccagc aatgagagaa tctgcctct gtagaccaac1860
atccagtgtg attttgtgtc tgagaccaca cccagtagc aggttacgcc atgtcaccga1920
gccccattga ttccagagg gtcttagtcc tggaaagtca ggccaacaag caacgtttgc1980
atcatgttat ctcttaagta ttaaaagttt tattttctaa agtttaaatc atgtttttca2040
aaatatTTTT caaggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgtcttcggt2100
tctagacttc agcttttgga aattgctaaa tagaattcaa aaatctctgc atcctgaggt2160
30 gatatacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaatc agttagaata2220
gttagaacia ttcttattta tgcccacaac cattgctata ttttgtatgg atgtcataaa2280
agtctattta acctctgtaa tgaaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1612 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

```

gtcttctttt ttttcttttt tttttttttt tttttttttt cctgtggaag tgctttttatt 60
agcagtaagg ctgatcgtac aaaaaattct cagagcttca taggacaagg tagtacaagt 120

```

```

atggatgata caggac      gaacggggga cggctcaaaa gaaatc      tcgtctgggg 180
catccaggtc cccgatattcc acaatggccc ttgggtctcc acgaaccctc ctgttgcgag 240
gtttcccagg ataacctccc tggcctcgga aggcatacata gttccctcga ccagcaccat 300
acggggcatg ggggtatgga gggcctcctg tggggactgc agggcggaaca gcaccagctc 360
5  catagcccaa gatcgggggc cggggctgac catagggcat caggccctgg ggagtctggt 420
gtgggtaggg gagtcctggg gtcaaacctg gggggagtat ctgggcgggc ccagggtggct 480
gggctggctt gatctcaggg agagctgggg gcttagcatc agtgagggaag ttgttaaaaa 540
acgcgacttc ctttttcaact tctcaattt tctctgcatg cttgttgaag atatgtttgc 600
gcacaaactc aggacccttg aatttcttgc cactgagagg acacagccac ttatccttgc 660
10 ccagttcctg cgtgttgagg gtgacgaact tctccacttc ctgctctggg tctttgcgcc 720
ccatcttctg ggcctcttcc tctgagagtg actcccgcac actcagcaac ggcgtgagct 780
tctcctcaaa agtcttctgc cactccagca cttccccgtg actgatgcgg ttgggtggca 840
tgggcccccg aacgtggatg atcccacagc gattgggcat ctgctcctcg ttgggtgact 900
cacaggtggt gtaataatcc aaggaatgca cgtgcgcag gtaaaggagg agcttgtcca 960
15 agaccttaat caacttctca tcccgtcca cgttgatctc tgccgggttc ccttccttag 1020
gaggctcctc aggaggagcg ccccgcgtgc tcccagcag ctctcctcc tcggcgctta 1080
cttcctcgat caggtagtgc gtgatattct tcaagatcgg gttttgcgag ggcaggctcg 1140
tgggcagggg aggcgtccct ggttctgagg cccaaagctg tgtcctgtca tccagcgtgt 1200
ggatcagctt ggcgcgcagc ttgatgtcgt tgcgcacaat ctgcttgtgc tgggtgatgc 1260
20 cggttgatgtt gcgaacgcgc cgggtcaggt ccctgttcac accagggtc agctcacact 1320
cccggagacg gatgttctgc aggttccaac agatctcttt aatgttaaca ctgcggtcga 1380
aggtcaccca gccacgacgg aaaaacctcc tctctggctg gggctctgag agcgccaccc 1440
gcataaagcc tgggtacctt ttacaaaggg agatgatctc ggcccgagg atgttgggcg 1500
cgatgttgcg catgaagagg gagcaggtct tatgcagcgg ccgcggcttg cactccagcc 1560
ccgcggcgct cttgggcttc tccattctt cttccttggg cttctccttc tc 1612

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1106 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

```

50 gaaagctctg gctttcaggc tataggaaga gcagaagatg atgccagaag ttgctggggt 60
aaaaccagcg agtccacccg tccttaccag ctctcagaa ggccggagacc gaccctgata 120
acttacccga tatttcgtca cagaagacac aaagacacat ccagcgggga ccacctcacc 180
tgcagattag accccaagc caaagacctg aaggatggga cccaggagga ggccacaaaa 240
55 aggcaagaag cccctgtgga tccccgcccg gaaggagatc cgcagaggac agtcatcagc 300
tggaggggga cggtgatcga gccctgagca ggcaccgagc tcccttcaag aagagcagaa 360
gtgccacca agcctccct gccacgggc aggcacacag gcacaccagt gcatctgaac 420
tatcgccaga agggcgtgat tgacgtcttc ctgcatgcat ggaaaggata ccgcaagttt 480
gcatggggcc atgacgagct gaagcctgtg tccaggctct tcagtgaagt gtttggcctc 540

```

```

5  ggtctcacac tgatcgacgc gctggacacc atgtggatct tgggtctgag gaaagaattt 600
   gaggaagcca ggaagtgggt gtcgaagaag ttacactttg aaaaggacgt ggacgtcaac 660
   ctgtttgaga gcacgatccg catcctgggg gggtcctga gtgcctacca cctgtctggg 720
   gacagcctct tcctgaggaa agctgaggat tttggaaatc ggctaattgc tgccttcaga 780
   acaccatcca agattcctta ctcgatgtg aacatcggtg ctggagtgc ccaccgccca 840
   cggtggacct ccgacagcac tgtggccgag gtgaccagca ttcagctgga gttccgggag 900
   ctctcccgtc tcacagggga taagaagttt caggaggcag tggagaaggt gacacagcac 960
   atccacggcc tgtctgggaa gaaggatggg ctgggtgccc tgttcatcaa taccacagt1020
   gggcctgttt caccacactg gggcgtattt cacggtgggg cgccaggggc cgacagctta1080
10 ttattgagtt acctgtttga aaggca                                     1106

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1370 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47

```

35  gcggtggcga ggggcgtaac ggttgttgta gtccggcccc ctctggctg gtccagccac 60
   attaacccgc aggatgtcgg aggtgcggct gccaccgcta cgcgccctgg acgactttgt 120
   tctggggctg gcgcgtctgg cggtccgga tccatgcgac ccgcagcgat ggtgccaccg 180
   cgctcatcaac aacctcctct actaccaaac caactacctt ctctgcttcg gcacggcct 240
   cgctctcgcc ggttacgtgc ggccacttca tacgtcctg agcgcgctgg tagtggcggt 300
   ggccctcggc gtgctggtgt ggccagctga gaccgcgca ctgtgcgcg ctgccgccgc 360
   agccaccctg cagcctgcct ggccgcagtg cttgccgtcg gcctcctggt gctctgggtc 420
   gcggggcgcg cttgcacctt cctgttcagc atcgccgggc cgggtgcttct gatcctggtg 480
   cacgcctcgt tgcgcctgcg caaccttaag aacaagattg agaacaagat cgagagcatt 540
45  ggtctcaagc ggacgccaat gggcctgcta ctagaggcac tgggacaaga gcaggaggct 600
   ggatcctagg cccctgggat ctgtaccag gacctggaga ataccacccc acccccagcc 660
   cataattggg acccagagcc ctttcccagc acttaaaaca ggagcctaga gccccctgcc 720
   caaacaaaaa aggacatctg tgaccgacct acccccacgc cagccccaaa ctaagatagc 780
   cctcacaccc agccccatt acctagggac aagagtcttc cccagccttg aacctaggac 840
50  caagagccac ctacatccag ccccaaaact ggggcttcag gccagagcat ccatggccaa 900
   tttcaaattg tgaaccacaga gacactccca tccacccttc tccatgctca tccccaaaact 960
   ggggcctgga gcaaggcact ctcaaactct gaaccctgga cēaaagcttt tccagacccc1020
   accctacctt ccaacccagg tcaagacatt gccaaactct gaactcagaa cccaagtgtt1080
   ccatgccccct gtgtggatgg agtcgggtat cctgactgtt ggacccctgg tccaggtgat1140
55  cccgaccctc accagtccca tttgcctccc tccagctctg cttaggcatt ttgcccctca1200
   ccccaatgtt ccacaccatc gacaaccaag gggtaggtg gggacaggcc tcagcaggga1260
   atggggcgta tatgttagtg ttgctgcaac aataaagcct gttgcatctc tcatgccaaa1320
   aaaaaaaaaa aagtcgaccg gccgcaaata tagtagtagt agtcgtccgc 1370

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 617 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48

```

ctcgtagttt attaaatgat gtacaatttg gccagtttgg agatgaccca aaggaggaag 60
taatggttct ggagagaatc ttactggcag accatcaagg ttgatttaca ggtagaacat120
ccataccagt tcctactaaa atatgcaaag caactcaaag gtgataaaaa caaaattcaa180
aagttgggtc aaatggcatg gacatttgta aatgacagtc tctgcaccac cttgtcactg240
cagtgggaac cagagatcat agcagtagca gtgatgtatc tcgcaggacg tttgtgcaaa300
tttgaataac aagaatggac ctccaaaccc atgtatagga gatggtggga gcagtttggt360
caagatgtcc cggtcgacgt tttggaagac atctgccacc aaatcctgga tctttactca420
caaggaaaac aacagatgcc tcatcacacc ccccatcagc tgcaacagcc cccatctcct480
gagcctccca ccccgctgcc tgggcctgtg ggttgctggg cctcccacct caaggagggg540
aaggttgtag agcccgaacc cgtggagcaa tgccctgtct ggcctccaaa accaaaataa600
aactgggtca ctttaaa                                     617

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1899 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

10 tgtgtgagggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
 ttacagcctt tcgattatga tccaatgag aaaagtaaac acaggttatg gttcagtcta 120
 15 tgtttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
 gtaagaggct gcaagggtgaa gtccagaggc tacgggagga gaacaagcag ttcaaggaag 420
 20 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc agagcaacag ccccatattca gcattagccc 480
 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg ggctcttggc tctggtggtt ttgttcttta 540
 tcgttgggtg aattattggg aagattgcct tgtagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
 tggattggtg gatccaccat atcatgggat ttcaatttat cataaccatg tgtaaaaaa 660
 aattaatgta tgatgacatc tcacagggtc tgcctttaaa ttaccctctc ctgcacacac 720
 25 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780
 agtaactgat tgagggggaa aagaatgac tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
 tgccacaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
 tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
 tggagccag catgctggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggccac 1020
 30 tcccggccca ggctgcttcc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac 1080
 tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc 1140
 ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga ccagcgctt tggaataaaa tggcagtgtc 1200
 ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattgggtc atgtagtga gtcaactgt 1260
 tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt 1320
 35 attgtcacaa gagtacagtt aatgctgctg gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat 1380
 tgctgctgga gggctgtggg ctctctgtgc tctggagagt ctggtcatgt ggaggtgggg 1440
 tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaaca 1500
 actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac cttttttaat 1560
 gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaaccatta ctcacacttc 1620
 40 cagcgccag gtccaagtct gagcctgacc tccccttggg gacctagcct ggagtcagga 1680
 caaatggatc gggctgcaga ggggtagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc 1740
 aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga 1800
 attaatTTTA tgccataaaa gaccaaccca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa 1860
 gaaaaattat aataaagccc caaaattaag aaataaaaaa 1899

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1398 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

agaatgtcgg gcggtgctgc gaggcccaag cccgggcccgg ggccgcctcc ctcaacgcct 60
cccttgacgg cctccacaac gcactcttcg ccactcagcg cagcttgagg cagcaccagc 120
ggctcttcca cagcctcttt gggaacttcc aagggtcat ggaagccaac gtcagcctgg 180
10 acctggggaa gctgcagacc atgctgagca ggaaagggaa gaagcagcag aaagacctgg 240
aagctccccg gaagagggac aagaaggaag cggagccttt ggtggacata cgggtcacag 300
ggcctgtgcc aggtgccttg ggcgcggcgc tctgggaggc aggatccccct gtggccttct 360
atgccagctt ttcagaaggg acggctgccc tgcagacagt gaagttcaac accacataca 420
tcaacattgg cagcagctac ttccctgaac atggctactt ccgagcccct gagcgtgggtg 480
15 tctacctgtt tgcagtgagc gttgaatttg gccaggggcc aggcaccggg cagctgggtg 540
ttggaggtca ccatcggact ccagtctgta ccactgggca ggggagtgga agcacagcaa 600
cggctctttgc catggctgag ctgcagaagg gtgagcagat atggtttgag ttaaccagg 660
gatcaataac aaagagaagc ctgtcgggca ctgcatttgg gggcttcctg atgtttaaga 720
cctgaacccc agccccaatc tgatcagaca tcatggactc gccagctct cctgggacctg 780
20 gggctctggc caaggatggg ctggagggtca ttcagttggc ctgtctcttc cctggaaacc 840
ttctgcaaag atggtgtggt gtacgtggct tccctgtaac cacatggggc ttggccattt 900
ctccatgatg agaaggactg gaatgcttct ccgggcagga catggtccta ggaagcctga 960
accttggtctt ggcattgcctt ctcagacagc acggcctggg ctccaactct tcaccacacc1020
ctgtattcta caacttcttt ggtgttttgc tctcctgtg gttggaaact tctgtacaac1080
25 actttaaact tttctcttgc ttctcttctt cttctccctt atcgtatgat agaaagacat1140
tcttccccag gaggaatgtt taaaatggag gcaacatttt ggccaacatt ggaaagcact1200
agagggcaat gggattaaac caacctgctt ggtctctatt agtcagtaat gaagacgaca1260
gcctggccaa ccaagggaaa ggaaattagt atcttttagt tcagtcattc cttgtagggg1320
tatgggtttt agcttgtggc ccccaccgaa aagattcatc ttggattgtt aatgcctatt1380
30 attccccaca ttaagggg 1398

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
35 (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

55 tttggcatca tttaacaatt catagaatta ctgtgaaggc ctttctagtt gagatgttgg 60
ggatatttgg attctaattg ttaaccccag aagaaggtaa tttagcttgg atttatttaa 120


```

aaccatttta gccttttact tatatctggt agaattccag tgatcatcct aataagggtat 180
atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgcta taagggtctcc 240
taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgtaaccaa gtttatatta 300
aaccaagagg ccatttccaa tatgattttt tgtttctttt taacttggtta agtccctaag 360
5 agattacatg ctagggcttg agtcattttc attgtagata atgatggccc acacagtcac 420
cttcaactat ccacataagc taggctttcc gcttttgcca cggacagtgt gaccaagata 480
tttccagagt aaataaccca ccacaacctt ggtaattcct cttttcttct taagctccag 540
gaagcgaag cagaaggact cttttcagac tgccctctgt agcctacatt gcagctttcc 600
aaaacaggca gctagcactg ggaaagccca tgtggtgacc ccatattttt ctgaggttct 660
10 tcttttccat ggtgttactt tattatcaga aagtaaattc agaaaacagg tcttgccctt 720
agcagacaag aaccacacca gtttcttgta aaggtaacgg atacattggg attcaggagt 780
gacacagagg tccagcccca gaacttgtaa ggattttgtt tgaacactga gcagatgcct 840
cctccctgcc acccatcaca ctagttaggg ctggccatga attctatgcc agagtcactc 900
ctgcagtctg ctagggatgg gccttcttat cccactctcg cacacatccc agtctagtct 960
15 ttgccttcac agagtccctc ttgacacccc tgacttaatg atagttgctg ttttgagta1020
gaattgatca ggtttaagtc atcctgctca ggttgggcat agtggctcat gcctgtaatc1080
tcagcacttt ggaagccaa agtgggagga ttgcttgagc ccaggagttc caaacatcc1140
tgggcaacag agggagacc ttgtcttacc aagaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagttaaaa1200
aaacaattag ctggacctgg tgggtgcacac tcagtaggct gaggtgaaag gattccttta1260
20 acatgggaga ctgaagatgc agtgagccat gaatcagcaa ctgcacacca gtatgagaga1320
aaaagtggaa ccctatcaca 1340

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52

```

atcagcacat caattgcagc attgtggcta ccaggggggtc aggatgcggg cgggtggagcc 60
ctctggcctt tgtgtggtag ccgaggactc tgtgtcagcg accgttttcc gggaaacttc120
cgggcgagac tcacatcttg gaaattcaaa tactcaatag ctctcgaatt ctaggaaatc180
50 tgagaagagg cctggattaa ggattcagac gtgggcccctc agatggctat ggcattgctg240
gttctaccaa cgtgacaggt gatcaagtta agaagctgga cgtccctctcc aacgacctgg300
gtatggaaca gggtta 315

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1162 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 - (A) ORGANISMUS: MENSCH
 - (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

	cggtctcgagc	gggtctcgagat	tcgaggtcgt	ggtggtcttg	gaagagcgtc	gagggggccg	60
	tggacgtgga	atggggccgag	gagatggatt	tgattctcgt	ggcaaacgtg	aatttgatag	120
	gcatagtgga	agtgatagat	ctggcctgaa	gcacgaggac	aaacgtggag	gtacgcgatc	180
	tcacaactgg	ggaactgtca	aagacgaatt	aacagagtcc	cccaaataca	ttcagaaaca	240
25	aatatcttat	aattacagtg	acttggatca	atcaaattgtg	actgaggaaa	cacctgaagg	300
	tgaagaacat	catccagtgg	cagacactga	aaataaggag	aatgaagttg	aagaggtaaa	360
	agaggagggt	ccaaaagaga	tgacttttga	tgagtggag	gctattcaaa	ataaggaccg	420
	ggcaaaagta	gaatttaata	tccgaaaacc	aaatgaaggt	gctgatgggc	agtggaaaga	480
	gggatttggt	cttcataaat	caaagagtga	agaggctcat	gctgaagatt	cggttatgga	540
30	ccatcatttc	cggaagccag	caaatgatat	aacgtctcag	ctggagatca	attttggaga	600
	ccttggccgc	ccaggacgtg	gcggcagggg	aggacgaggt	ggacgtgggc	gtggtgggcg	660
	cccaaaccgt	ggcagcagga	ccgacaagtc	aagtgtctct	gctcctgatg	tggtatgacc	720
	agaggcattc	ccagctctgg	cttaactgga	tgccataaga	caaccctggt	tcctttgtga	780
	acccttctgt	tcaaagcttt	tgcatgttta	aggattccaa	acgactaaga	aattaaaaaa	840
35	aaaaagactg	tcattcatac	cattcacacc	taaagactga	attttatctg	ttttaaaaat	900
	gaacttctcc	cgctacacag	aagtaacaaa	tatggtagtc	agttttgtat	ttagaaatgt	960
	attggtagca	gggatgtttt	cataattttc	agagattatg	cattcttcat	gaatactttt	1020
	gtattgctgc	ttgcaaatat	gcattttcaa	acttgaaata	taggtgtgaa	cagtgtgtac	1080
	cagttaaaaa	aatcacaaaa	aaaaaaaatt	ttaattaagg	atttagaagt	tcccccaatt	1140
	acaaactggt	tttaaatatt	gg				1162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 - (A) LÄNGE: 1826 Basenpaare
 - (B) TYP: Nukleinsäure
 - (C) STRANG: einzel
 - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:54

```

10  cggctcgagg cccccgccct gttcgccccg cgccaccggc ccgcgccccg ccatggagga 60
    cctggatgcc ctgctctctg acctggagac taccacctcg cacatgccaa ggtcaggggc 120
    tcccaaagag cgccctgagg agcctctcac ccctcccca tcctatggcc accagccaca 180
    gacagggtct ggggagtctt caggagcctc gggggacaag gaccacctgt acagcacggt 240
    atgcaagcct cggcccccaa agcctgcagc ccgcggcgcc cctccattct cctcttccag 300
15  cgggtgtcttg ggtaccgggc tctgtgagct agatcggttg cttcaggaac ttaatgccac 360
    tcagttcaac atcacagatg aaatcatgtc tcagttccca tctagcaagg tggcttcagg 420
    agagcagaag gaggaccagt ctgaagataa gaaaagaccc agcctccctt ccagcccgtc 480
    tcctggcctc ccaaaggctt ctgccacctc agccactctg gagctggata gactgatggc 540
    ctcaactctc gacttccgag ttcaaaaacca tcttccagcc tctggggcaa ctccagccacc 600
20  ggtggtgagc tccacaaatg aggggtcccc atccccacca gagccgactg gcaagggcag 660
    cctagacacc atgctggggc tgctgcagtc cgacctcagc cgccgggggtg ttcccaccca 720
    ggccaaaggc ctctgtggct cctgcaataa acctattgct gggcaagtgg tgacggctct 780
    gggccgcgcc tggcaccccc agcacttcgt ttgcggaggc tgttccaccg cctggggagg 840
    cagcagcttc ttcgagaagg atggagcccc cttctgcccc gagtgtactt ttgagcgctt 900
25  ctgcgcaaga tgtggcttct gcaaccagcc catccgacac aagatggtga ccgccttggg 960
    cactcactgg caccagagc atttctgctg cgtcagttgc ggggagccct tcggagatga 1020
    ggggtttccac gagcgcgagg gccgccccta ctgccgcggg gacttcctgc agctgttcgc 1080
    cccgcgctgc cagggtctgc agggcccat cctggataac tacatctcgg cgctcagcgc 1140
    gctctggcac ccggactgtt tcgtctgcag ggaatgcttc gcgcccttct cgggaggcag 1200
30  ctttttcgag cacgagggcc gcccgttgtg cgagaaccac ttccacgcac gacgcggctc 1260
    gctgtgcgcc acgtgtggcc tcctgtgac cgccgctgc gtgtcggccc tgggtcggcc 1320
    cttccaccgg gaccacttca catgcacctt ctgcctgcgc ccgctcacca aggggtcctt 1380
    ccaggagcgc gccggcaagc cctactgcca gccctgcttc ctgaagctct tcggctgaca 1440
    gcccgctcgg ctgcacctct cccccggagg ccgcgccctc ccggaagagc cgggtcctcc 1500
35  agaccccgag gccttgtctc cagagcggga ggccccaccc actggagagc cccgccccta 1560
    aggtactatg agtcctcagg ggtcaagttc agaaacggcc cagccagacc taaaccacac 1620
    cgcccacaaa gtggattgca cacagacaag aactcccgtg cgggcctcca ctctattccc 1680
    acccttgagg gagccccctt actgggggag ggtccttgca attccagcga atcggaggcc 1740
    aggccaggac gtccttgctc cctgcaccct cactgttctg tgcacttttt ctacctacat 1800
40  aaacacacgc attccacctc aaaaaa
                                     1826

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45 (A) LÄNGE: 1114 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

gatgaagtag atgactttga ggacttcac ttcagccact tctttggaga caaagcactg 60
 aagaagaggt caggggaagaa ggacaagcac tcacagagcc caagagctgc ggggcccagg 120
 10 gaggggcaca gcataggggg ctgacaccct gcccacagc gaatggcctt ggcctggccc 180
 agcccaagat cccagcggtta tctaactcct ggaggggtga ctctgtcctg gcttgtttgg 240
 tgtcctcaga tatctttcac acagtagagc aaaatcacca gccctgcact gatgtcactt 300
 tatgtagaaa aaggccttag ctggacctgc gttgccgtct atgcaaatac atgcaaatac 360
 tccaggccct gggatgtggg cttgtgtttt gtcactgtga agggggagat gggagaggag 420
 15 cctgttttgg ggtggggtct ggggaaggca atctgattct gaagctaaag agctttcatc 480
 ctcttgagtg tatgtcccca tagtgggccc cttgacccac atgctgaccg gtgccttggg 540
 atttgactag agttgtctggc tcgaggccca gcacgaggac ttaccctggg gttttgttag 600
 gtttggaagc agctgtccct agggggtgaa gtccccccc tttttttttt tttacccttg 660
 cttctccac ggcttcacct ccctatgtga actgtagact cagatcccaa taaagtgtctg 720
 20 ttgcagctat gatgctaggt ggtttctaag cacaggggac accccacacc cctgacctga 780
 atggatgggt ccacccagg cactggtact tgcccccttg ttctgtatcc ccctttgccc 840
 ttgccttgcc cttccaacaa accctaggcc cttgagaagc tgatacttct ccttttgctc 900
 acagctgcct tggccccacc cctgggagat gtagcaaatt gagtgtgggt tttggagtct 960
 gagcctcagg ctcaaatcca ggccaagtga tcttgggcaa gttaatctct gggaactttg 1020
 25 ggtttcttat cctcaaaaaa ggcgatggaa gggctgggga agtgattaaa taaaagcaac 1080
 gcaagaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaa 1114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1644 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

ctcgagccgt gcaagtggaa taacacgggc tgccaggccc tgcccagcca agaacgaagg 60
 ccccagcaag gccttcgtga actgtgacga gaacagccgg cttgtctccc tgacctgaa 120
 cctggtgacc agggctgatg agggctggta ctggtgtgga gtgaagcagg gccacttcta 180
 55 tggagagact gcagccgtct atgtggcagt tgaagagagg aaggcagcgg ggtcccgcga 240
 tgtcagccta gcgaaggcag acgtgctcc tgatgagaag gtgctagact ctggttttcg 300
 ggagattgag aacaaagcca ttcaggatcc caggcttttt gcagaggaaa aggcggtggc 360

```

5  agatacaaga gatcaagccg atgggagcag agcatctgtg gattccggca gctctgagga 420
   acaaggtgga agctccagag cgctgggtct caccctgggtg cccctggggc tgggtgctggc 480
   agtgggagcc gtgggtgtgg ggggtggccag agcccggcac aggaagaacg tgcaccgagt 540
   ttcaatcaga agctacagga cagacattag catgtcagac ttcgagaact ccagggaatt 600
   tggagccaat gacaacatgg gaggcctctt gatcactcag gagacatccc tcggaggaaa 660
   agaagagttt gttgccacca ctgagagcac cacagagacc aaagaaccca agaaggcaaa 720
   aaggtcatcc aaggaggaag ccgagatggc ctacaaagac ttcctgtctc agtccagcac 780
   cgtggccgcc gaggcccagg acggccccc a ggaagcctag acggtgtcgc cgcctgtctc 840
   ctgcacccat gacaatcacc ttcagaatca tgtcgatcct ggggccctca gctcctgggg 900
10  accccactcc ctgctctaac acctgcctag gtttttccta ctgtcctcag aggcgtgctg 960
   gtccccctct cagtgcacatc aaagcctggc ctaattgttc ctattgggga tgagggtggc 1020
   atgaggaggt cccacttgca acttctttct gttgagagaa cctcaggtac ggagaagaat 1080
   agaggtcctc atgggtccct tgaaggaaga gggaccaggg tgggagagct gattgcagaal 1140
   aggagagacg tgcagcgccc ctctgcacc ttatcatggg atgtcaacag aatttttccc 1200
15  tccactccat cctcctctcc cgtccttccc ctcttcttct ttccttccat caaaagatgt 1260
   atttgaattc atactagaat tcaggtgctt tgctagatgc tgtgacaggt atgccaccaal 1320
   cactgctcac agcctttctg aggacaccag tgaaagaagc cacagctctt cttggcgtat 1380
   ttatactcac tgagtcttaa cttttcacca ggggtgctca cctctgcccc tattgggaga 1440
   ggtcataaaa tgtctcgagt cctaaggcct taggggtcat gtatgatgag catacacaca 1500
20  ggtaattata aaccacatt cttaccattt cacacataag aaaattgagg tttggaagag 1560
   tgaagcgttt ttctttttct ttttttttt t gtagacggag gtcttctactg tcgccagggc 1620
   tggagtgcag tggcgcaatc tcgg                                     1644

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2184 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57

50

55

```

   tgcagtggtc agagtgcact ggtataaggg agagggcctc accttgcccc ctgtgctgac 60
   tcctgccctt gtgcgagggg agtccatccc gatccggctc ttcctggccg ggtatgagct 120
   cagccccacc atgcggggaca tcaacaagaa gttctctgtg cgctattacc tcaacctggt 180
   gctgatagac gaggaggagc ggcgtactt caagcagcag gaagtgggtg tgtggcgga 240
   ggggtgacatc gtacggaaga gcatgtccca ccaggcggcc atcgccctac agcgcttga 300
   gggcaccacc tccctgggtg aggtgcggac cccagccag ctgtctgaca acaactgcag 360
   gcagtaggcc cccagggccg agaagatgct gggcaccac ccagcaccac catctaccaa 420
   caccagcggc tggggcgggg ggcggacctt gtgaggctca gttgaccctg tacttgcaac 480
   ctgaaaacaa atcatgtttt tgacttaaat tcttttctct ggagaaccca aggggcttg 540
   ggtgggaagc agtctctcct tgggattctg cgccgatgt gggatagaag aggtagcatc 600
   ctggaagcca gcctctctgg ggaacatgag ccccttctc cggggggctg ccttgcgctc 660
   tagaggaggg agagcagaga gcacgcaccc ttggctcctg gctctctgag cttcctgata 720

```

```

caggatctga gcatgt      gggattctga gctgccaaaca gggccc      tagtcacatc 780
ttgtactccc ctttgctgtc   ccggaggtag tggcaggagt tgggccagcc cccactaagt 840
ggcaggggaa gactcacgat   tgggaagcta cctctttggg aatcttggat gtggtgatct 900
caagttccca caggccacct   cctcttggcc actcactgct gggaccaggg cacctccctt 960
5  ctccatcctc tctggattgt   cagtaatgtc ctggaacaga agcctgtagg atggccttgg1020
gcacggagaa gccctggggg   cagtgtcgtg cacggatggc ggcagtgttg aaccagggag1080
gctgaaccgg gccccaccag   gaagatgagt gcatggcaac cgcctgcctt cacgtcgctc1140
cacttggtaa ccccaagggt   tgggctgttc taggtattgc ttcacgtgcc ccagcaagcc1200
cttaacaaga gggcctgggt   ccctgaagaa ccaatcccag gaaggggccc tgatccctcc1260
10 gccttgctga gagtgaaccc   tcgtctctcc tcaccctcca tttcatttct gggaattggg1320
gcttagtttc gaaccttttg   caaggctgtt cttactaatg cccaagcccc tttaccctcc1380
tccctatagg ttacacaggg   gagaccaggg cctcggcaga agactgctgc cacacttccg1440
aatcattctg cttgccaaat   aggtcatctt caccagttga ctgacccaag tttaggacca1500
ttggtagctg gtgttttaaa   aacacatata aaaaaactct tgtgaatatt cttgttatgc1560
15 tagagaggaa ggtacttctc   cctctacggc tctgcgctgg ggcctatggg agtaaagttg1620
tttactgtcc tttttctgct   tcccctggaa atgacaggca ttactctccc attggcctcc1680
cttcccttta tagaaagacc   aagcaggccc cactggccaa gaggtacggg atttggcagt1740
ctgagttctc agtaatttgg   aaagttaagg agttgggttc tgtgtcacct ttcagttagt1800
20 gtgggaaagg aagacttctg   ttttcctgag atcagtgcag tctcaggcct ttggcagggg1860
tcatggatca gagctgagac   tggagggaga ggcatttcgg gtagcctagg agggcgactg1920
gcggcagcag aaccgaggaa   ggcaagggtg tttcccccac gotgtgtcct gtgttcagg1980
gcgacacaca atcctcatgg   gaacaggatc acccatgcgc tgcccttgat gatcaagggt2040
ggggcttaag tggataagg   aggcaagttc tgggttcctt gccttttcag agcatgaggt2100
caggctctgt atccctcctt   ttcctagctg atattctaac tagaagcatt tgtcaagttc2160
cctgtgtggc ccttcccccc   agag
2184

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1510 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

```

50 agcctgggaa acacagtagg gctccacctc tacaaaaaac acaaaaatta gccaggcatg 60
tggcgtcata gtagaattaa tcaaaagcaa gaaaatggct ggaggagctg tcttgttggc 120
aggacctcct ggaactggca agacagctct ggctctggct attgctcagg agctgggtag 180
taagggtccc ttctgcccac tgggtggggag tgaagtttac tcaactgaga tcaagaagac 240
55 agaggtgctg atggagaact tccgcagggc cattgggctg cgaataaagg agaccaagga 300
agtttatgaa ggtgaagtca cagagctaac tccgtgtgag acagagaatc ccatgggagg 360
atatggcaaa accattagcc atgtgatcat aggactcaaa acagccaaag gaaccaaaac 420
gttgaaactg gacccagca tttttgaaag tttgcagaaa gagcgagtag aagctggaga 480
tgtgatttac attgaagcca acagtggggc cgtgaagagg cagggcaggt gtgataccta 540

```

```

5  tgccacagaa ttcgaccttg aagctgaaga gtatgtcccc ttgccaaaag gggatgtgca 600
   caaaaagaaa gaaatcatcc aagatgtgac cttgcatgac ttggatgtgg ctaatgcgcg 660
   gccccagggg ggacaagata tcctgtccat gatggggccag ctaatgaagc caaagaagac 720
   agaaatcaca gacaaacttc gaggggagat taataagggtg gtgaacaagt acatcgacca 780
   gggcatttgct gagctggtcc cgggtgtgct gtttgttgat gaggtccaca tgctggacat 840
   tgagtgtctt acctacctgc accgcgcctt ggagtcttct atcgctccca tcgtcatctt 900
   tgcattcaac cgaggcaact gtgtcatcag aggcactgag gacatcacat cccctcacgg 960
   catccctctt gaccttctgg accgagtgat gataatccgg accatgctgt atactccaca1020
   ggaaatgaaa cagatcatta aaatccgtgc ccagacggaa ggaatcaaca tcagtgagga1080
10 ggcactgaac cacctggggg agattggcac caagaccaca ctgaggtact cagtgcagct1140
   gctgaccccg gccaaacttg cttgctaaaat caacgggaag gacagcattg agaaagagca1200
   tgtcgaagag atcagtgaac ttttctatga tgccaagtcc tccgccaaaa tcctgggctt1260
   gaccaggcag ggataagtta cattgaagtt gagatggctt gaggggtttt cagcagctaa1320
   gagacttccc caggtgtgcc tggcctgggg tccagcctgt gggcgctttg ccctgggggtt1380
15 tgggggctgc ccttccccat tcaggcgttg ggttgacgcg ttgttcaatt tcagttgttg1440
   gaaagcgctt tttttttgaa gttagtctta agtgtttccc cttgggtttg ttttgaaaag1500
   aacccttcct                                     1510

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

```

45  gagaactcac accatatgtg tcctgttcca gtgcgcgggt ctgtggagag ccgggtgcga 60
   gcggcggcag cacgagggga aaagagctga gcggagacca aagtcagccg ggagacagtg 120
   ggtctgtgag agaccgaata gaggggctgg ggccacgagc gccattgaca agcaatgggg 180
   aagaaacaga aaaacaagag cgaagacagc accaaggatg acattgatct tgatgccttg 240
   gctgcagaaa tagaaggagc tgggtgctgc aaagaacagg agcctcaaaa gtcaaaaagg 300
   aaaaagaaaa aagagaaaaa aaagcaggac tttgatgaag atgatatcct gaaagaactg 360
   gaagaattgt ctttggaagc tcaaggcatc aaagctgaca gagaaactgt tgcagtgaag 420
50  ccaacagaaa acaatgaaga ggaattcacc tcaaaaagata aaaaaaagaa aggacagaag 480
   ggcaaaaaac agagttttga tgataatgat agcgaagaat tgggaagataa agattcaaaa 540
   tcaaaaaaga ctgcaaaaacc gaaagtggaa atgtactctg ggagttaaac aaacttccta 600
   aaaaagctaa agggaaagct caaaaatcaa ataagaagtg ggatgggtca gaggaggatg 660
   aggataacag taaaaaaatt aaagagcgtt caagaataaa ttcttctggt gaaagtgggt 720
55  atgaatcaga tgaatttttg caatctagaa aaggacagaa aaaaaatcag aaaaacaagc 780
   caggtcctaa catagaaagt gggaatgaag atgatgacgc ctccttcaaa attaagacag 840
   tggcccaaaa gaaggcagaa aagaaggagc gcgagagaaa aaagcgagat gaagaaaaag 900
   cgaaactgcg gaagctgaaa gaaaaagaag agttagaaac aggtaaaaag gatcagagta 960
   aacaaaagga atctcaaagg aaatttgaag aagaaactgt aaaatccaaa gtgactgttg1020

```

atactggagt aattccttct tctgaagaga aagcagagac tcccacatgc gcagaagatg1080
 acaatgaagg agacaaaaag aacgaaagat aagaagaaaa agaaaggagg acaagggagg1140
 aaaagagaac agagaaggaa agaagggcct ggcaaaagcc actgtttc 1188

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2208 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

30 gcaggacggc tctggggccct tccctggtga cttcaacggc ttctcccacc tggagctgag 60
 aggcctgcac acctttgcac gggacctggg ggagaagatg gcgctggagg tcgtgttcct 120
 ggcacgaggc cccagcggcc tccctgctcta caacgggcag aagacggacg gcaaggggga 180
 cttcgtgtcg ctggcactgc gggaccgccc cctggagttc cgctacgacc tgggcaaggg 240
 ggcagcggtc atcaggagca gggagccagt caccctggga gcctggacca ggtctcact 300
 ggagcgaaac ggccgcaagg gtgccctgcg tgtgggcgac ggcccccggtg tgttggggga 360
 35 gtccccggtt ccgcacaccc tcccaaacct gaaggagccg ctctacgtag ggggcgctcc 420
 cgacttcagc aagctggccc gtgctgctgc cgtgtcctct ggcttcgacg gtgccatcca 480
 gctggtctcc ctccggaggcc gccagctgct gaccccgag cactgtgctgc ggcaggtgga 540
 cgtcacgtcc tttgcaggtc acccctgcac ccgggcctca ggccaccct gcctcaatgg 600
 ggctcctgc gtcccgaggg aggtgccta tgtgtgctg tgtccgggg gattctcagg 660
 accgactgc gagaaggggc tgggtggaaa gtcagcgggg gacgtggata ccttggcctt 720
 tgacgggcgg acctttgtcg agtacctcaa cgctgtgacc gagagcgaga aggcactgca 780
 gagcaaccac tttgaactga gcctgcgcac tgaggccacg caggggctgg tgctctggag 840
 tggcaaggcc acggagcggg cagactatgt ggcactggcc attgtggacg ggcacctgca 900
 actgagctac aacctgggct cccagcccgt ggtgctgcgt tccaccgtgc ccgtcaacac 960
 45 caaccgctgg ttgcgggtcg tggcacatag ggagcagagg gaaggttccc tgcaggtggg1020
 caatgaggcc cctgtgaccg gctcctcccc gctgggcgcc acgcagctgg aactgatgg1080
 agccctgtgg cttggggggcc tgccggagct gcccggtggc ccagcactgc ccaaggccta1140
 cggcacaggc tttgtgggct gcttgcggga tgtgtgtgtg ggccggcacc cgctgcacct1200
 gctggaggac gccgtcacca agccagagct gcggccctgc cccaccccat gagctggcac1260
 50 cagagccccg cgcccgctgt aattattttc tatttttcta aacttgtgcg tttttgatat1320
 gattttcttg cctgagtggt ggccggaggg actgctggcc cggcctccct tccgtccagg1380
 cagccgtgct gcagacagac ctagtgtgta gggatggaca ggcgaggtgg cagcgtggag1440
 ggctcggcgt ggatggcagc ctccaggacac acaccctgc ctcaaggtgc tgagcccccg1500
 ccttgcaactg cgccgtgcccc acggtgtccc cgccgggaag cagccccggc tcctgaatca1560
 55 ccctcgctcc gtcaggcggg actcgtgtcc cagagaggaa ggggctgctg aggtctgatg1620
 gggcccttcc tccgggtgac cccacagggc ctttccaagc ccctatttga gctgctcctt1680
 cctgtgtgtg ctctggaccc tgccctcgcc tccctgcgca atactgtgac ttccaaacaal740
 tgttactgct gggcacagct ctgcgttgct ccgctgctgc ctgcgccagc ccaggctgct1800
 gaggagcaga ggccagacca gggccgatct ggggtgtcctg accctcagct ggccctgccc1860

agccaccctg gacatgaccg tatccctctg ccacacccca ggccctgcga ggggctatcg1920
 agaggagctc actgtgggat ggggttgacc tctgccgcct gcctgggtat ctgggcctgg1980
 ccatggctgt gttcttcatg tgttgatttt atttgacccc tggagtgggtg ggtctcatct2040
 ttcccatctc gcctgagagc ggctgagggc tgcctcactg caaaatcctc cccacaaaag2100
 5 cggtcagtga aaagtcggtc ctttgtccta aaaaatgacc aaggggcca gcaagttttg2160
 tgaacaaagg gtgaaggggg aagttcgaaa aggttggaag ggaatttt 2208

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 283 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

gaaaaggggg agggggagtg acaatctttg cttggggcct atgacttctc cagccccaag 60
 gggagatgcc accgggaaat cccccaatgt ccactagggg gcaggaggcc accgttcttc120
 gtactccgga gaacctggct ggagagctct ttcttggtca cccttcctc cagctgtatc180
 35 tctgccctgc agataacgtg aaggactgga gcaaggctgt cctggcctat gagcctgtgt240
 gggccattgg tactggcaag actgcaacac cccaacaggg aac 283

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 184 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
 gggatatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaaccc gtgcaggtga 120
 10 agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcaggga ctgaaacatc ttagtacctg 180
 cagg 184

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1780 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

tcccccccg gggcaacccc cccatcgggc ccccaaagcg ctgggggttac agccttaagc 60
 caccaagccc cggccgacct tcttctatct ttccattctc ctttccaaag ccatggccat 120
 ggcgtcctgt gtacaggtgc ataaacacat cagtgtgcc tccctcacat gcatgtcgtt 180
 40 ccccaccct ccttcccagg gcttctcttg gctccagcgt tctcttgga cctctgcag 240
 atacagcctg tgctggaccc ccagccagg tgagggtca ttctgctctg tcttcccac 300
 tgcctcagtt tccccaaaa gctgctttca cgtccttcta gtagggggcc tcccatggg 360
 gcaaggatcc cctttaggat tcaatctttc ctctttgggc agttttggct ttgagtc 420
 cagggatcag ggtgagaatg aagaagagct cagtgcgcg aatgacagca gctgggtgg 480
 45 tgggtgtggg agaggctgag gggaaggcag ctctaagact gggagtggag ttcttgagg 540
 tgtggggagg ggggcgtgtt ttcaatttag aaaaatctca gccagctcga gccgagagag 600
 aatgcgaaag aggaagtctg gaaggagcga ggaatgggt ggggtggcag gggggccgct 660
 cagttgctgt cgctcttgct caccagcacg gcgtccgact cctcgggtgat ctccagcag 720
 gcggtgcacgt cggggctgct cccgcgcgc aggtcgcgcg cctcccccg ctcggccac 780
 50 ctccaccatc tcggtggcct tgagcactc cacctggccc tggcgatct tcttgacgtg 840
 gaaggtgaag ggtggcacct tgtagaccgc ggtcctggag cgcgcgtaca ccacgtggtc 900
 gggcgtgaag gatttgcgca acttgctccg cgacgtcttc agtttctcgc gccgctcggc 960
 gggcaccagg cgcgtgcccc gcttggtcat gcgtctctcc aggtgtgcc gcgtctctc 1020
 caggttttcc ttggtcttga ggcgcgtctt ctccaggttc tcgcgggtac gcaccttgg 1080
 55 cttctccatc ttctccttgg agaaggcctt cttgaagtgc tccacgcgcc gcaggccctg 1140
 cgcttgatac gctctgcgcg ggactcctca ataacctcct caacctccac cgcctcgtcc 1200
 gacgaaagct ccagcgcgcg tgcgtcctcc tcgggcgcgt cgcctcgcgc cagctcctcg 1260

```

cctcctcttct ctggcagcgc ctccgactct ttcagegatt tgctgatgct cagtttggcc1320
ggcagcttca cttcatcctg gtagatcatg acttttaaagt tgcggcgccg cagcagctcg1380
gcctcggtga cctccagctt cttgatctgc cccgcctggc gctccaggct gccgcgcacg1440
gtcttcacgt tgacgctgac cttgcgcacc ttctccagca gcttgctcac cgtattgctc1500
5 gtggtggcgt gcgccttgcc cagcttgctc agctcgccct ggatgctctg cactgcgccc1560
tccatctccg cctgcgcctc ctccagctgt gcttgagtca gctggatctg gtctacggcc1620
ccgatgattt tgtccaggag gctcagcacc agcacgccgt tcacctggtc cgacttgatc1680
agctcttctg agccggcccc cgacggctcc tccgctgcct gagccccagc ggaggaagct1740
ccggggcctc ggcgatcggg gtaccggggc aagcgggccg 1780

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

```

35 ctcgagcggc tcgagccgat tcggctcgag cggctcgaga agaagatatg ctagtctgta 60
tttttgctgt gctattgagg atcaggacaa tgaactaatt accctggaaa taattcatcg 120
ttatgtggaa ttacttgaca agtatttcgg cagtgtctgt gaactagata tcatctttaa 180
ttttgagaag gcttatttta ttttgatga gtttcttttg ggaggggaag ttcaggaaac 240
atccaagaaa aatgtcctta aagcaattga gcaggctgat ctactgcagg aggaagctga 300
aaccacacgt agtggttcct gaagaaattg gactgacata actctcctcc cttggtgatg 360
acttcttggt gcatttcaca cactgtagat ggtcactccc ttcattgtcca tgttagctca 420
tggtgtaaga tgatgtcttg tcagtattac tgttttgcta agccgcttca ttcattgccta 480
cacaattttt ttttaaaagg gaactttagt taattaagtg ataagggact taaatatgaa 540
ttagaatggt gcagaaagag ataccttttc tggatatttt aaagttaaaa ggtcagtttc 600
45 tcttaatctg attatgtgca catatgaaaa tggcacatca tatacatgta aaatcaggca 660
gtatacattt attaattact gtatttgaca aaggaaactc ttaaattata atgtgaaacc 720
tggttttatg aaaccaaaga ctagtgcagc atttcagcat atgtaaaaag aaaaaaaaaa 780
gggaattgac atgtcacata tcaaatgaat ggaaactttg ttgaaacttt aaaaagcaaa 840
tttactccaa agacttgatg tggaaattac ataccttttt tttttttttt aaaggactac 900
50 agattatttt taatgactaa attggagtga tacttcttac actaaaaatt atttcttagg 960
cattctgaat ctgggatgag aaacaggatt gtttcacaat agtaagcaca taatttttaa1020
ggccaaggca catttgactc ctgagatgaa ttttttgtag ttaataatcaa atacttagtt1080
gtttttgatg ccccaaaaata aagtgagaat ggtaatttgc caggaattct tcataacagt1140
atcttataaa aaacgtgttg ctctcttcac agtattatgt gtaaagtcac tgttttaaagc1200
55 acgaatgttc cctctggggg acttggttaa gctaaattta ttttgcttcc ctccacttag1260
aagtgtgca cactttacag cagcttcctt tctttccatg gcactgccta gttaacagaa1320
gtcttataaa aattttaaaaa gacacatttc ttacaaaaaa gagttgaatg aggtaaaatg1380
gcattagatg gctctatatt ttttaaagct atgtaattgt tcagcgtcac ttttctaagt1440
acttatacat atctaacaat gtcttcatgg tttatatttt cacttatata tgctgggctg1500

```

gattaagctt tgttgtgatt gtgaccaaca ttcaggccac gtgagcactg tcttatcaca1560
 tcgccaatta gttgtaataa acgttcaacg tacaaaaaaa aaaaaggcg cagcttcctt1620
 ggggggaatt actggaagcg gggttaagcg ga 1652

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1085 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

10 (C) STRANG: einzel.

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

30 gctccctggc ctccctctca gacagcttgg ggggtgtctgt catggccacc gaccaggact 60
 cctactccac cagcagcagc gaggaggagc tggagcagtt cagcagcccc agcgtgaaga 120
 agaagccctc catgatcctg ggcaaggctc ggcaccggct gagctttgcc agtttcagca 180
 gcatgttcca cgctttcctc tccaacaacc gcaagctgta caagaagggtg gtggagctgg 240
 cgcaggacaa gggctcgtac tttggcagcc tgggtgcagga ctacaagggtg tacagcctgg 300
 agatgatggc gcgcagacc ctgcagagca ccgagctcaa ggagattcgc accatgatga 360
 35 cccagctcaa gagctacctg ctgcagagca ccgagctcaa ggccctgggtg gaccccgccc 420
 tgcactccga ggaggagctc gaagcaattg tagagtctgc cttgtacaaa tgtgtcctga 480
 agcccttgaa ggaagccatc aactcatgcc tgcacagat ccacagcaag gatggttcgc 540
 tgcagcagct caaggagaac cagttagtga tcctggccac caccaccact gacctagggtg 600
 tgaccaccag cgtgccggag gtgcccatga tggagaagat cctgcagaag ttcaccagca 660
 tgcacaaggc ctactcacct gagaagaaga tctccatcct gctcaagacc tgcaaactca 720
 tctacgactc catggccctc ggcaaccctg ggaagcccta tggggcggat gacttcctgc 780
 ctgtgctcat gtatgtgctg gccgcagca acctcacgga gatgcttctc aatgtggagt 840
 acatgatgga gctcatggac cccgccctgc agctggggga gggttcctac tatctgacca 900
 ccacctacgg ggccctggag cacatcaaga gctacgacaa gatcacggtg acccggcagc 960
 45 tgagtgtgga ggtgcaggac tccatccacc gctgggagcg ccggcgctact ctcaacaagg1020
 cccgggcctc ccgctcctcc gtacagccac ttcattctgcg tgtcgtacct ggagcccag1080
 cagca 1085

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1393 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

```

gggcagggga gggagttgac gggctgacac aggaaactcc cctgaaacct gtttctcagc 60
ttcccggccc agctggggca cccactggaa ggagaggcca ggcggaagac cctggctccg 120
tcatggcctc tgccctgagg ccaccccggtg tccccaaagg taagggtgtc ctgccttcac 180
actactatga gagctttcta gagaagaagg ggccctgtga ccgggattac aagaagttct 240
gggcaggcct gcagggtctc accatattat tctacaatag caatcgggac ttccagcacg 300
tggagaagct caacttgga gcatattgaga aactcacaga tgagattccc tggggaagct 360
cacgtgaccc tggcaccac ttcagcctga ttctccggaa tcaggagatc aagttcaagg 420
tagagacctt ggagtgtcgg gaaatgtgga aaggcttcat cttaacggtg gtggagctcc 480
gtgtcccagc cgacttgacc ctgcttcctg ggcacctata catgatgtct gaagtcttgg 540
ccaaagagga ggcgcgccgt gcaactggaga caccctcgtg ctctctgaag gtgagccggc 600
tggaggcaca actgctcctg gagcgctacc ccgagtgcgg gaacctgctg ctgcggccca 660
gcggggacgg cgccgacggt gtcggtcacc acgcggcaga tgcacaacgg gacgcacgtg 720
gtccggcatt acaagtgtaa gcgggagggg cccaagtac gtgatcgatg tggaacagcc 780
gttctcttgc acctccctgg acgcccgtgt caactatttc gtgtcgcata ccaaaaaggc 840
gctggtgcca ttctctgttag acgaggacta cgagaagggt ctaggctacg tggagccga 900
taaggagaat ggcgagaatg tgtgggtggc gccctccgct ccgggcccag gtcctgcacc 960
ctgcacaggt ggccccaaag cgctgtcacc tgcgtctagc caggacaagc tgccccact 1020
gccccacta ccgaaccagg aagagaacta cgtgacctct attggagatg gccagctgt 1080
tgactatgag aaccaagatg tggcttcctc tagttggcca gtcctcctga agccaaaga 1140
gttgccaaag cctcctgcca agcttcctc gcccaccgtt ggacccaagc cagagccca 1200
agtctttaat ggtggcttgg gcagggaagc tgccagttca gtttcagccc agcctcttct 1260
ttccccacag gccgggctgg gcagacatgg acggcagagt tacagaagaa gctgggagaa 1320
gaggcggggc actggtagca tggtttcgga cacaccagg accagcgggt tagttccagg 1380
gcgggccagg tgg                                     1393

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1248 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

```

10  ggcacgagga agttaagatc atacatgcgg atgtgtctggt aacctgcaag aagcaatcat 60
    gctgcgggtcc ggtgtgacct...cccaaggcat tcaccctggg agtccctggt gctgcacccc 120
    aacccaggca gagctcatcg tgggtgacca gagcgggggt atccacatct gggacttgaa 180
    aacagaccac aacgagcagc tgatccctga gcccgagggt tccatcacgt ccgccacat 240
    cgatcccgac gccagctaca tggcagctgt caatagcacc ggaaactgct atgtctggaa 300
    tctgacgggg ggcattggtg acgaggtgac ccagctcatc cccaagacta agatccctgc 360
15  ccacacgcgc tacgccctgc agtgtcgctt cagccccgac tccacgctcc tcgccacctg 420
    ctgggtgat  cagacgtgca agatctggag gacgtccaac ttctccctga tgacggagct 480
    gagcatcaag agcggcaacc ccggggagtc ctcccgcggc tggatgtggg gctgcgcctt 540
    ctggggggac tcccagtaca tcgtcactgc ttctcggac aacctggccc ggctctggtg 600
    tgtggagact ggagagatca agagagagta tggcggccac cagaaggctg ttgtctgcct 660
20  ggccctcaat gacagtgtgc tgggctagcc tgtgaccctc cgggactgcc tgggtgcagg 720
    ggtggcagct ggagggaccc atgcagcacc caggtcagag cagaccctcc cctgccggcc 780
    tgcgccactg gacctgatgg cccctgtgg cgcttgacc tgctgggcca ggctgccctg 840
    ggactctcag cccccagttg cttatccaga tgtgacagag ctcgacccaa gccaggctgc 900
    acactcctgg actgggctag cctgcactgc ctgggaaagt cggccgaggg cccaaagctg 960
25  ctgaggggtc tgaggctggt gcccaccccc aagctagtgt gttctctgcc cctccctgcc 1020
    cgcgtttcag ggcctcggtc catagagaac accaccacca tggccagggt gaagggttta 1080
    ttagtccctg ccagcagctg tctcctcctg tgcagggtgc ctggccagcc cactggattg 1140
    gggacgggcc aggtcgggcc aggtcggggg ctcagtctgg gagtaataa aagcagaccg 1200
    acacgcagat gttgctcggg aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1248
30

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1099 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

```

55  ctcggtgcaat ttccgggcagg gagtgtcaag cctgttgtct taacattttg tataaaaaag 60
    aacaacagaa attatctgtc atttgagaag tggcttgaca atcatttgag ctttgaaagc 120
    agtcactgtg gtgtaatatg aatgctgtcc tagtgggtcat agtaccaagg gcacgtgtct 180

```

```

ccccttggtgta taactgattt ccttttttagt cctctactgc taaataagtt aattttgcat 240
tttgacagaaa gaaacattga ttgctaaatc tttttgctgc tgtgttttgg tgttttcatg 300
tttacttggtt ttatattgat ctgtttttaag tatgagaggc ttatagtgcc ctccattgta 360
aatccatagt catctttttta agcttattgt gtttaagaaa gtagctatgt gttaaacaga 420
5 ggtgatggca gcccttccct agcacactgg tggagagac cccttaagaa cctgaccca 480
gtgaatgaag ctgatgcaca gggagcacca aaggaccttc gttaagtgat aattgtcctg 540
gcctctcagc catgaccgtt atgaggaaat atccccatt cgaacttaac agatgcctcc 600
tctccaaaga gaattaaaat cgtagcttgt acagatcaag agaataact gggcagaatg 660
aagtatgttt gttttattttt ctttaaaaaat aaaggatttt ggaactctgg agagtaagaa 720
10 tatagtatag agtttgctc aacacatgtg agggccaaat aacctgctag ctaggcagta 780
ataaactctg ttacagaaga gaaaaagggc cgggcacagt ggcttattcc tgtaatcca 840
acactgtgga aggccgaggc aggaggatca cttgagtcca ggagtttgaa acctacctag 900
gcaacatggt gaaaccttgt ctctaccaa ataaaaatta gctgggcatg gtggcacgtg 960
cctgtgtgccc cagctacttg ggaggctgag gtgggagcct gggaggtcaa ggctgcagtg 1020
15 agccatgatc atgccactgc actccatcct gggtgacagc aagatcttgt ctcaaaaaa 1080
aaaaaaaaa aagtcgacc 1099

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 774 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

```

tttatggagc ctgtactatg taccagatgc agactgtgct agcggttggg gatacagtga 60
tgacttggtc tgccctcagg tggcagggag ccattttggg ttttcgaaca gaaaagtgc 120
ataatgaatg ctgagttctt aggaagatta atccaggagt agtctccagg atgtactgga 180
45 aggagagaag ctgaaaccag ggaggctgct gtgtttgcag ttggctgccc agtgctacct 240
ctgcagagac aatcaatgtc ctgaaggtag ctggatgctc tgtgtgcact gacacgagcc 300
ttcctaccaa gccccagggg ctccatgctg gagaatgcac gtagggctag ggtgagcact 360
aacttcactt caggagagca aggaacagtg tggctcttcc atttttcagt tctgtaagca 420
catcaccctt ttctcctccc cttgagctgt gttctctgac agctgtttgt tggtaaagcc 480
50 agcagcccct aaagcacgtc ccagccttgt ctcctctgtg ctttcccca ccactgctgc 540
tgacgctc atttgctggg ccactttagt ggtggaacca tttagaggctg agtgacttaa 600
aggagattga gtctgtctcg accccgagag agagtggat gfatggatgc atcgtctcat 660
ttagaaagtg ttgcctctga ctctaacaca ctcttctctc tttctttacc gccctccctg 720
tgtgcgtccc tgggggggcg tgggctaaac cccttcgctc cccctttctc ctcc 774
55

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 42 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70

```

tagctccagt ctcagctgta tcatttttcta actgattttt acaataaaaa tgagagtaaa 60
aatcagttac tcttttctaga cattaattag cacattttacg ttaagactct aagtagtata120
aaatgtaaat tgctgctacc ctactaagtt actgtcagta aatactgtgt gcagtaaatg180
25 ttgagtatgg attaattgaa ggatacctct acaattatatt ccttttagtca aggttgtagc240
taagaattgg gcttctgaca tacattcttt ttaatctttt tcgtattggg ttttatagca300
ctaaacctaa tttctaacat atttttacac ctgaaatcta cattctaata taaagggtttt360
tttttataaac gttcctaaaa tttcaggccc tcagcaggca gtttttgtcc cagttttctt420
caacag                                         426

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1417 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71


```

gccaaccttc cctccccaa ccttggggcc gccccagggt tcttgcgcac tgcctgttcc 60
tcttgggtgt cactggcagc cctgtccttc ctagagggag tggaacctaa ttctcctgag 120
gctgagggag ggtggagggt ctcaaggcaa cgctggcccc acgacggagt gccaggagca 180
ctaacagtac ccttagcttg ctttctctct ccctcctttt tattttcaag ttctttttta 240
5 tttctccttg cgtaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gccctaccc ttaccgccc 300
cgccacctcc ttgctacccc actcttgaaa ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360
gccagcctca tctcctttct tgctagcccc caaagggcct ccaggcaaca tggggggccc 420
agtcagagag ccggcactct cagttgccct ctggttgagt tggggggcag ctctgggggc 480
cgtggcttgt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540
10 ggtgagccgg ctgcagggga caggaggccc ctcccagaat ggggaagggt atccctggca 600
gagtctcccg gagcagagtt ccgatgccct ggaagcctgg gagagtggg agagatccc 660
gaaaaggaga gcagtgtcga cccaaaaaca gaagaatgac tccgatgtga cagaggtgat 720
gtggcaacca gctcttaggc gtgggagagg cctacaggcc caaggatatg gtgtccgaat 780
ccaggatgct ggagtttatc tgctgtatag ccaggctctg tttcaagacg tgactttcac 840
15 catgggtcag gtggtgtctc gagaaggcca aggaaggcag gagactctat tccgatgtat 900
aagaagtatg ccctcccacc cggaccgggc ctacaacagc tgctatagcg caggtgtctt 960
ccatttacac caaggggata ttctgagtgt cataattccc cgggcaaggc cgaaacttaa1020
cctctctcca catggaacct tcttggggtt tgtgaaactg tgattgtgtt ataaaaagt1080
gctcccagct tggaagacca ggttgggtac atactggaga cagccaagag ctgagtatat1140
20 aaaggagagg gaatgtgcag gaacagaggc gtcttccctg gtttggctcc ccgttccctca1200
cttttccctt ttcattccca ccccctagac tttgatttta cggatatctt gcttctgttc1260
cccatggagc tccgaattct tgcgtgtgtg tagatgaggg gcgggggacg ggcgccaggc1320
attgttcaga cctggctcggg gccactgga agcatccaga acagcaccac catctaacgg1380
ccgctcgagg gaagcaccgg gcggtttggg cgaagtc 1417

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 691 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung 35 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

```

50 ctgccttccg gtgcgtcgtt tacgccagtt tgaaccaaag acgccccagg ttgaggccga 60
gttccagagc atgggggtctc ggttgtccca gccttttgag tccctatatca ctgcgcctcc120
cggtaccgcc gccgcgcccg ccaaacctgc gcccccagct acaccggag cgccgacctc180
cccagcagaa caccgcctgt tgaagacctg ctggagctgt cgcgtgcttt ctgggttggg240
gctgatgggg gcggggcggt acgtgtactg ggtggcacgg aagcccatga agatgggata300
55 ccccccgagt ccatggacca ttacgcagat ggtcatcggc ctacgcattg ccacctgggg360
tatcgttgtc atggcagacc ccaaagggaa ggcctaccgc gttgtttgaa agtaccacca420
gtgaatctgt cttctgtctc tgtccctttc cccgtgacac acagagcagg catggaattt480
aatgggtgtt ctggacagac acttgtacat ggacagacat cactactgtg gatactacaa540
gactgaaaag aaaatcgtat gttgtcattc tctggctatg gagtgtttgt ggccttcaca600

```

gattttcacag gaacc...aa atccctcaga gaagtaaaaa aaaa aa aaaaaaaaaa660
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 691

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1705 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

```

gattcggcat gaggacagag ccctttttga aaataaattg gcattggagt gttttaccct 60
ctagctgttt tacttagaat gtaacatatg ctgcctaccc acctcaaaat gtctgtactg 120
caagagggcc ctgggcctct gctttccata ttcacgtttg gccagagttg tagtcccaa 180
gaagagcatg ggtggcagat ggtagggaat tgaactggcc tgtgcaatgg gcatggagca 240
caaggggtca cagcatgcct cctgccttac cgtggcagta cggagacagt ccagaacatg 300
gtcttcttgc cacggggtgt tgttgtctct ggtggtgctg catgtctgtg gctcaccttt 360
attcttgaaa ctgaggttta cctggatctg gctactgagg ctagagccca cagcagaatg 420
gggttgggcc tgtggccccc caaactaggg ggtgtgggtt catcacagtg ttgccttttg 480
tctcctaaag atagggatct acttttgaag ggaattgttc ctcccaaata aatttgcttt 540
accttgggcc tttcttttgt gccagtatte aagtggata gctctgagca gggtcacatt 600
tggccaaacc tgacactgtc ttgctgcatt ctcttttggc aaacatcagg gtcagaattc 660
aggatagccc tctctagggc actggacttt ctggcatggg ggctgtgttt gcacaagtta 720
tttcatgtt acctggagag tgtccagagg ctgctctgag gctgaggtgt gttccccctt 780
gcctggttcc agctgtcaga gggataccat cctagggtct gggaatccaa ggccacgaga 840
ctccttggtt tgtggtccga gatcctgtac taaggagggt ctggccagag gaacagacca 900
gcttttgcac aatgaagcgc aagggaacaa gtggtttgcc tgggtgtccta cctgtcctga 960
acctggctct gtgggccatt gaaaagttag atctgtgatc tctgggggtt ttgtggcttt1020
gttcaatgct tccactctag ggcaggcaga gcagtctata ctctcccaag cctgcttgac1080
ctccaagtag agctgataca gagatctgtg aatattgtga tagaaattct ttggtattca1140
tacatttcag ctgcaagtca gcaatttccc aggtaccatg taagctataa aacagtcatt1200
cttaaagaca gaggatagct gtgactcatg ggtatcatgag gtccatggct ggttgcaggt1260
tccctttttc cttctcagg ttttgtctct tctgtgtgtg tccccagcaa gggagagact1320
gtgggggtgga ttggggagaac agattaggag tatagcaaat gaaccagaa tggaacagt1380
gggagctaac tgtgaatgag gagagtacct gctgcaggac ctggagggtca ggtgtgaat1440
ctgtattggc acaggggaata aatatcctgg cgtctggagc cttcacctct ccgtcaagtc1500
cttctgtgta tactgccatg gcacaggatc tgagttgcag ctctgcaccc taaatcacac1560
cctgggcatt gtctgggctg cagggtgcc aggttctgta cttgtgtcca gctgtggccc1620
tggtatgccg aaactgggag gggtttcttg tgcccagaat gtagcctgta acgcttgggc1680
gccttttaaa gccccccctg gggcc 1705

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1516 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74

```

gtttattctt agtagttgga actaatgtag tctgactaaa atacacatgg gtgtctgctc 60
tgtgatgttt aaacttatct gttttgtttg gttttcattt caggaagcag aagtgcaagc 120
aaagcagcaa gcatgaacct taagcactgt gctttaagca tcctgaaaaa tgagtctcca 180
ttgcttttat aaaatagcag aattagcttt gcttcaaaag aaataggctt aatgttgaaa 240
taatagatta gttgggtttt cacatgcaaa cattcaaaat gaatacaaaa ttaaaatttg 300
aacattatgg tgattatggt gaggagaatg ggatattaac ataaaattat attaataagt 360
agatatcgta gaaatagtgt tgttacctgc caagccatcc tgtatacacc aatgatttta 420
caaagaaaac acccttcctt ccttctgcca ttactatggc aacttaagt tctctgcagc 480
tctacattaa aaaggagaaa gagaaataac ctgtctctca ttcctaagtt gcctcattaa 540
ttttcatgaa caagaatatg tacctttttg atgctatat actgcgatta aaaagttctt 600
gcaggtaatg tttatgatat gttaaacggt gtaatttctt atcgtaatta taacattccc 660
attcctttgt agatgaaact tctacatatt gaaccacaga ttttctgagc ttctaaatgt 720
agcctttcat tgcacatttc agtgcacaga atagatatcc ttttacacgc acaaaagcaa 780
tagattcatt cagtggacaa gttccttggt taactacaca gctatgatgg aatgatatat 840
ccaagttcct tgccctcagt aaatatgcat atgtatatca tgaaagtggg atgccaagta 900
agcttaaaat ggcatctctt agcaaagaga ttagactttt aaataactct tataaaacag 960
gttggcgatc atttcccaag attggtttcc cttgagtttt tgctaaaaca aatcttagta 1020
gttttgcccg tttaaaacaa ctcaaatcg taaatgctac tattcctaag atatcttacc 1080
tttttatttc agtttagcca tgtattgtat gagtgtatta gtctaagcag tgagaatctt 1140
ttctatgcct ctattccagc aaaaagtaga agtatcaaat aaaaagggca acttttaaaa 1200
tattaagcct gaagacttct aaaaagacaa gaaacatggc cttaaataacc aacatagatt 1260
tacatagtaa gtttcacact accttattac caaaagcaaa cacctcttac tttaaactac 1320
attatcatgt atatctattg tatgctggtc tttacttttt gccaaaatca acatataatg 1380
aagagatgcc tttgtttcat gagattcaaa cttgatgcta tgcttttaaa taaactcagt 1440
acttttagaa acataaaaaa aaaaaaaaaa aggcgacccc ccgagtagtg ggccgcgcgc 1500
cggggatttt tccggg

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1490 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

```

gaataaaggg ctggccagac ccagtgggcgt cctttcccag acctttcttg gcacaaagcc 60
tttgcctgct ggcttggagg ccctgoggcc tacattctct ggaccccact atgtgcctgg 120
caaagggcta gtgccttgag gaaactgagg tagctgggtt ggtccccttc caggaattca 180
gagtcctggg gcaggggcat gggaaataga cagatgtaat tctatagcct gggcctggca 240
ccctccacct ccacgccccca ccagcattgc cttacgcctc ccttgccccca cgttagatgg 300
tttcttccgg ttttgcactc tggctgcccc ttggagtctc ctggggagct gtaatatctc 360
tttggagatt cagattgagc tggctctagg tgtggcccag gcattgggca ttttggaaag 420
25 cccaggtgtt tttcagcttg cagccaggcc gagagagagc ccctgagtca gatccccatg 480
gtttaggcac acctagcggg aggggtggct cctggacccc accgtggttg gagagctgag 540
catgtgtgtg gcttttagtg ggtctgttag ttatgggggt ctgggcaact gagctgcagg 600
acacttggga tcccaggtca gaaagggcca gatgagcaac taggaaagac ttgggggcca 660
gggcgagagt gggtcacctg acactcttgt gaggcccctt ctagtgccctg ctcacaccgg 720
30 aatttcattc actccaagaa gccatcaggg gtaagatacc ttcctttaa cgtcactaag 780
aaagaagagg cctgcccgtg acacagtaag atgccattga tctaaagatg cgtcttgatt 840
tcagaaaggt ccggaagtgg aaagcaggtt tcagggtctg tgaggtacag ggttctcctg 900
taggccccag ggatggtctc aggggtgctg agtgcgtgcg tggtaaattg atggagccca 960
ggggcgccct ctgccagtg cctccaggca ctcaaacctg gcccttctga agccgacctc 1020
35 acgtgacctc acagcccctc ctgaaggcgc ctactgatg acggtgggtg gaataacagc 1080
ccccagagat gtccaggttt ggaaccccag gacgtgggaa agtgttacct tgcgtggcaa 1140
aagggaaccc gcgcctgtgc ttcagttcag gatttcgttg tggggagatg accgtggatg 1200
gttgaggttg gccctgagta atcatggggg cccttataag ggaaggggag tcacgagggt 1260
ctgcgcatga agcaaggaag cttctggctg tgaagatggc aagaaggcct ggggccaggc 1320
40 gatgaggtgg cccctggagg agctggaaaa ggcattggat tctgccccag agcctccgtg 1380
gagaaacaaa gccgcactga caagacttca gcctggtgaa aaccattttg gactcctgac 1440
ctctagaact gtaagataat aaattggtgt ggttttcaac ctctcaaatg 1490

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2513 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

10

```

ctcgagccga ttcggtttca gcagaaagt atggaaaaag aaactgaaaa ggcgatttct 60
gaaatcgaag atgctgcatt cctggcccga gagaaagcga aacaagatgc tgaatattat 120
gctgcacaca aatatgccac ctcaaacaag cacaagttga ccccggaata tctggagctc 180
aaaaagtacc aggccattgc ttctaacagt aagatctatt ttggcagcaa catccctaac 240
15 atgttcgtgg actcctcatg tgctttgaaa tattcagata ttaggactgg aagagaaaagc 300
tactcccct ctaaggaggc tcttgaaccc tctggagaga acgtcatcca aaacaaagag 360
agcacaggtt gatgcaagag gtggaaatgt tctccatata aagatgtggc ccaaggggtt 420
aagtgggaac aatcattata cggactcttc agatttacag agaacttaca ctcatctgt 480
tccacctctc ctgcgatagt cctgggtgct ccactgattg gaggatagag ccagctgtct 540
20 gacacacaaa tgggtcttttc agccacagtc ttatcaagta tcctatatgt attcctttct 600
aaactgctac tcatgaatga ggaaagtctg atgctaagat actgcctgca ctggaatgtt 660
aaaccataaa tatataacaa gctgtgtttt cctaagctga gatctgttga ataagttaa 720
cattcgctccc ccggggaat gtatgctcag ccaccattca agagatgact gagaaggaga 780
tggttaagttc aagaagactg attgcacctg ggaccaggc ctttctttg ccttctttg 840
25 ccagccttca tccatgtgat taagatccag gccgctgaag ttcccaggga aatgatcttc 900
cacttgagca accttttact tgatacgatt tgcaccttct tgttttctct cagtcagggt 960
ggtggcctgc agggacctga gctttgctac ccaaccagat tcctcataga gattcctaatt 1020
cactagtctt ttgtattcat aaactcagag atacagaggg cttgggttga agttggggtg 1080
agatgaaacc tttgctctga gccaaagctc tggggccttg cattccctgc attgggttg 1140
30 tgactgtcag catcactgcc gcagcatgct tgactaaggt acctggtttt agccacagcc 1200
acctccttgt atgttacctt tcagctctgg ccaagagtgg gacagggttt taaccacaaa 1260
taggagcagc atgcaattcc tagtgacttg ctgcacagta ttgtatcata ttacaggaa 1320
gtttttattt ttaaaactgg atctggggtg tattcatttg ccccatcacc tctgtctaaa 1380
ggcccaagtc ctagggctgc catggtcaca agcacactga tgctccttaa gattgtttat 1440
35 ctggagccca catagtgtgg aacaaaaagt cacctagaaa gcatccttgg tcatcattgt 1500
ctccttccca cctggcccag agatgcttaa atccaagttg tttctccagc tgtcacctcc 1560
cccaggagat caggattcca ctgacgtcct gggcagccag tgaatttaat tttccatgag 1620
aaacaacaga gttaacctgt ggcattagga gacctacttc atgtggacce tttttttcct 1680
40 tcagtttaac ttttctggag cagtgtgctg cgtagttcgg cctgagtttg tgcagcttgt 1740
taagacaact cttgtgtacg ctatgttgaa gctcaacaaa aaagtcatgg gaccacttct 1800
agaaatcttt cagctgtcag gccgtgcagt ctcatgacag tttgttggtt gtgccaaaca 1860
ctttattttg gaaaggaaa gcccagattt aatgggtctt tcccctgggc cttatcctat 1920
agaggcattt gtaatatgga gaaaataatt tttcattttt gctcatttaa ttctataaat 1980
45 tctctttata aatgaatttt gtgttcttta gttctcctta aaagaacttt tgaattataa 2040
aaataaaatc tttacctgtc gaattgttgc tgcagatgat tgttgtggaa aatctggatc 2100
attgacctct gtgctttcat tcctagagat gttttatagt tacatgagca aaagctgttg 2160
ccccaaagt atggccctgg agggggggct gaggaacagg gaaatgccgc tgtgaagtct 2220
taaagcactt ctgcttaaac tcccattgtg gaggagtgtg cctccctgtg ccctctcagc 2280
tctgaggctg gccgtctttc ggggtgttcc ttttggcaaa tatacactgt aatcttgagt 2340
50 ctaaatttat atgttgaat gctacctttt ttaaaataag aaactaaata aaattatttt 2400
actatcaaaa aaaaagaaa gggagggaag gggggcgagg ggtaggagg gggggggggg 2460
gagggggggg aggggaatgt ctcgagaggg ggggggtggg ggcgccgtcg agc 2513

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1962 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 77

accgacggcc gccctttttc gtcttttttt tttttacatt tcaaatatat tttattactt 60
tccatcttag aaagaatatg aaacctgcat gcaatgctaa tggtttctga catgtacata 120
gcataataca cagcagtaca atgcggcata tactgggggg cagtgtgtgg agggggcggt 180
cttaagggtta tatgtacaga ggaaaggcg catggctatc ttagctttcg aaaggaggact 240
gcaactgttta acattgaaga attacatggg gaatcacaaa tatattgctt tagtactgca 300
tgttctgttg tggtagggga aagaaacatg ctttgaagggt tttcccttgt caacagaatg 360
tgtgtctgta gctgtgtatt gcgcatgtat tcatatattt ttaagttttc tcctaagggtt 420
25 tttgctgaca gtgttgggaa cctcacatgc ttctgaagca ttaaatattg aacctgtgaa 480
cctttcagaa atcctcagggt tgggaaagac cccacacctt ctttaaggat catttgtctc 540
gccatcacag gatcttggaa atgtttccta gggtgtgtaa aaattaacca ggggggaatg 600
aagcacattt ttctggcaac caaacttgag ttctcagag aacagatgca gagagacctg 660
ctcttgcttg cccggctaca ggggccactg tggagtcaca ctgaggctgt gaccggccat 720
30 aagcccagga gagcccggtg cagctgtgcc gaggcgccag gacctctaag cggaagcttc 780
ccaagctagg aatggagcaa cactgcaatg aaatgtgtcc accaagctca ttgttcctcc 840
cgggcgctta taaagctcag atgtatagt acgtatggac aaatacaaaa aaaaaaaaaa 900
aaaaaaaaaa aaaaaaagcc tttctttctc acaggcataa gacacaaatt atatatgtt 960
atgaagcact ttttaccac ggtcagtttt tacattttat agctgcgtgc gaaaggcttc1020
35 cagatgggag acccatctct cttgtgtctc agacttcac acaggctgct ttttatcaaa1080
aaggggaaaa ctcatgcctt tcctttttta aaaatgcttt tttgtatttg tccatacgtc1140
actatacatc tgagctttat aagcgcccg gaggaacaat gagcttgggtg gacacatttc1200
attgcagtgt tgctccattc ctagcttggg aagcttcgc ttagaggctc tggcgccctc1260
gcacagctgc cacgggctct cctgggctta tggccggtca cagcctcagt gtgactccac1320
40 agtggccctt gtagccgggc aagcaggagc aggtctctct gcatctgttc tctgaggaac1380
tcaagtttg ttgccagaaa aatgtgtctt attccccctt ggtaattttt tacacacctt1440
aggaaacatt tccaagatcc tgtgatggcg agacaaatga tccttaaaga aggtgtgggg1500
tctttcccaa cctgaggatt tctgaaaggt tcacagggtc aatatttaaat gcttcagaag1560
catgtgaggt tcccaacact gtcagcaaaa accttaggag aaaacttaaa aatatatga1620
45 tacatgcgca atacacagct acagacacac attctgttga caagggaaaa ccttcaaagc1680
atgtttcttt ccctcaccac aacagaacat gcagtactaa agcaatatat ttgtgattcc1740
ccatgtaatt cttcaatgtt aaacagtga gtcctctttc gaaagctaag atgaccatgc1800
gccctttcct ctgtacatat acccttaaga acgccccctc cacacactgc cccccagtag1860
tacgcaggca ttggtaccgg ctggtgttaa aatggctatg ggacatgggc aggaaaccat1920
50 ttaggcattg gcattgaggg ttccataatc cgtttctaag ga 1962

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55 (A) LÄNGE: 788 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT: _____

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

cggtgcccc gccgcggggcg cgagatggat tccgggtgct ggttggttcgg cggcgagttc 60
gaggactcgg tggttcgagga gaggccggag cggcggtcag gaccgcccgc gtcctactgc 120
gccaagctct gcgagccgca gtggttttat gaagaaacag aaagcagtga tgatgttgaa 180
gtgctgactc tcaagaaatt caaaggagac ctggcctaca gacgacaaga gtatcagaaa 240
gcactgcagg agtattccag tatctctgaa aaattgtcat caaccaattt tgccatgaaa 300
agggatgtcc aggaagggtca ggctcgggtg ctggctcacc tgggtaggca tatggaggcg 360
ctggagattg ctgcaaactt ggaaaataaa gcaaccaaca cagaccattt aaccacggta 420
25 ctctacctcc agcttgctat ttgttcaagt ttgcagaact tggagaaaac aattttctgc 480
ctgcagaaac tgatttcttt gcatcctttt aatccttgga actggggcaa attggcagag 540
gcttacctga atctggggcc agctctttca gcagcacttg cgtcatctca gaaacagcac 600
agtttcacct caagtgacaa aactatcaaa tccttctttc cacactcagg aaaagactgt 660
cttttgtgtt ttcctgaaac cttgcctgag agctctttaa ttttctgtgg aagggatacg 720
30 aggaatggca ggaaaattgg gaagttttgc aaatgtgcc aacctggttg agaaaggggg 780
acaggttt 788

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 299 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

```

aacctccctc gaggggaattg atcttcagcc ctcccacctc acaatctaca cagcagcctt 60
gaaggaaaag acgccagact tcagacgtct ctctcctcgc gtctcggaga ccgcggactc120
ccgtaagggtc gcccggtgggc cccgatttgt aatgcgggac aaccccgggc gcgggggtga180
5 tcataggggt ctccagggcg cgggggtggat gaaggagggt cggggatggg gggttttgta240
aagggggctg tagaaggcgg aaggaaggat gaaatttggg aggggggggg gggggtcac 299

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2263 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

35

45

50

55

```

attacgacaa ctcttctaca tgtaagaaag gaaaggtatt ccctgggaag atttcagtga 60
cagtatcaga aacatttgac ccagaagaga aacattccat ggcttatcaa gacttgcata 120
gtgaaattac tagcttggtt aaagatgtat ttggcacatc tgtttatgga cagactgtaa 180
ttcttactgt aagcacatct ctgtcaccaa gatctgaaat gcgtgctgat gacaagtgtg 240
ttaatgtaac aatagtaaca attttggcag aaaccacaag tgacaatgag aagactgtga 300
ctgagaaaat taataaagca attagaagta gctcaagcaa ctttctaaac tatgatttga 360
cccttcggtg tgattattat ggctgtaacc agactgcgga tgactgcctc aatggtttag 420
catgcgattg caaatctgac ctgcaaaggc ctaaccacaa gagcccttct tgcgttgctt 480
ccagtctcaa gtgtcctgat gctgcaacg cacagcacia gcaatgctta ataaagaaga 540
gtgggtgggc ccttgagtgt gcgtgcgtgc ccggtacca ggaagatgct aatgggaact 600
gccaaaagtg tgcatttggc tacagtggac tgcactgtaa ggacaaaatt cagctgattc 660
tactatttgt gggcaccatc gctggcattg tcattctcag catgataatt gcattgattg 720
tcacagcaag atcaaataac aaaacgaagc atattgaaga agagaacttg attgacgaag 780
actttcaaaa tctaaaactg cggctgacag gcttcaccaa tcttgagca gaagggagcg 840
tctttcctaa ggtcaggata acggcctcca gagacagcca gatgcaaaat ccctattcaa 900
gacacagcag catgccccgc cctgactatt agaatacataa gaatgtggaa cccgccatgg 960
cccccaacca atgtacaagc tattatttag agtggttaga aagactgatg gagaagttag1020
caccagtaaa gatctggcct ccgggggtttt tcttccatct gacatctgcc agcctctctg1080
aatggaagtgt gtgaatgttt gcaacgaatc cagctcactt gctaaataag aatcattgac1140
attaaatgta gtagatgcta ttagcgcttg tcagagaggt ggttttcttc aatcagtaca1200
aagtactgag acaatggtta ggggtgtttt cttaattctt ttcctggtag ggcaacaaga1260
accatttcca atctagagga aagctcccca gcattgcttg ctcttgggca aacattgctc1320
ttgagttaag tgacctaat cccctgggag acatacgcac caactgtgga ggtccgaggg1380
gatgagaagg gataccacc acctttcaag ggtcacaagc tcaactctctg acaagtcaga1440
atagggacac tgcttctatc cctccaatgg agagattctg gcaacctttg aacagcccag1500
agcttgcaac ctagcctcac ccaagaagac tggaaagaga catatctctc agctttttca1560
ggagggcgtg ctgggaatcc aggaactttt tgatgctaata tagaaggcct ggactaaaaa1620
tgtccactat ggggtgcact ctacagtttt tgaatgcta ggaggcagaa ggggcagaga1680

```



```

gtaaaaaaca tgacctggtga gaaggaagag aggcaaaagga aactgggtgg ggaggatcaa1740
ttagagagga ggcacctggg atccaccttc ttccttaggt cccctcctcc atcagcaaag1800
gagcacttct ctaatcatgc cctcccgaag actggctggg agaaggttta aaaacaaaaa1860
atccaggagt aagagcctta ggtcagtttg aaattggaga caaactgtct ggcaaagggt1920
5 gcgagagggga gcttgtgctc aggagtccag ccgtccagcc tcgggggtga ggtttctgag1980
gtgtgccatt ggggcctcag ccttctctgg tgacagaggc tcagctgtgg ccaccaacac2040
acaaccacac acacacaacc acacacacaa atggggggcaa ccacatccag tacaagcttt2100
tacaaatggt attagtgtcc ttttttattt ctaatgcctt gtctctctaa aagttatttt2160
atttgttatt attatttgtt cttgactgtt aattgtgaat ggtaatgcaa taaagtgcct2220
10 ttgttagatg -gtgaaaaaaa-aaaaaaaaaa-aaaaaaaaaa aaa 2263

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 1284 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

```

35 aaaaatgggc taaactagct ccagagaact tgtgaattct ttgctaaagc ctctggcaaa 60
aacggcattt gatgaagcaa ttgctgaatt ggatacgctg aatgaagagt cttataaaga 120
cagcactctg atcatgcagt tacttaggga caatctcact ctgtggacat cggaaaacca 180
) gggagacgaa ggagacgctg gggagggaga gaactaatgt ttctcgtgct ttgtgatctg 240
ttcagtgtea ctctgtaccc tcaacatata tcccttgtgc gataaaaaaa aaaaaaaaaa 300
aaaaaagagt cgtacgtcga ctttcgattt ttcacagcct cagcctagga aaaatggttc 360
atgggataaa cagctgggat ttgtatctaa aactcagatt ggtcacataa atgccacggc 420
attccgaagt tttgattttg attaacattg acaggattac tgtgtgttta atttttttaa 480
aactgaacac tgtgattatg gggttttgta atttagcaga actcttactg gttagaaaaa 540
45 tagacctgaa ttatgtgtaa ctttttggaa ggtttaatct gatatacaaa taatcattga 600
aatacaattc cattgtaaag ttgtacagaa agttatagag attatatgtg gatgctggaa 660
cttggagtga gacacacatc atttggcatt tgagttgaat ggtaattcac agtaatgctg 720
ccgttggttcg ggacttaaaag acacttgacc tgtttgggct gttgccactt aaaagttcat 780
gaccacaaat gtccacagtg tcttcctctg aggaaactcg aatcctgaaa tggaaattct 840
50 ttgtggcaga taactggcct atgacacctt gaaaagttca agtgctcata taacacacca 900
cactgaaccc cctttcctac agcaatatgt tcaactatgt tccaatttgc aacttgtgtg 960
tcaatagtgg aatctacttt cattgttaac actgagctaa agaaaaaaag ccgtgtgttt1020
tatgaatgac cttatctgtt tcctggataa tacctttaag aataatgtcc tgagtcaggc1080
gtgggtggtg gtgcatctag tcccaactat ttgggaggct gaggcaggag gatcgcttgall140
55 gcccaggagt ttaaagctgc agtgccctgt ggttgacact gtgaataact gcactccagc1200
ctgggcaaca tagcgagacc tcatctccaa aaaagaaaaa aacacaaaag gatgtgtctg1260
taagaggctt ccctggggga ccag 1284

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1335 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

```

25  ggggtgacata atgacagggtt aaatatttgt gattcattga ttaaataatta tttaaagaaa 60
    tgtaaattca caataagggt tgaaaattat ttggtttcat ccattgtctc ttatttcagg 120
    accaagcagc aaactgcagt agtttgtgaa ggattccta atgggggttca ggaatagcct 180
    ctcaacgcta ctaattcaga tctctcccag agaactactg gatttcctca taattgacaa 240
    acatgagtga ccacctcttt ggggtggctac tgttagaaat ggctgttgtc atgttttctg 300
30  gacttttgcca gccaacagat ccttgccagg ttttggaat acttctatta cctcgctgct 360
    acttttctgc agggataaaa cttttgaggt ggccagaccc agaacaacca aggattcctg 420
    ttacagtgtc acagtataca ctgctcattt atcctattct catgtgcttt cttctttagt 480
    aagattatth taagaaaata agtgatattt aaagtccaaa gaggaatgat cacagttgta 540
    taaggggtgt tttcccactt gaactctgat gtcagtcgac tgtgggtcag agctacaacc 600
35  atctgttttg tttgatgttt tgggtggtta cttacggagt ggggatagtg tgagacctaa 660
    ttccctgtgc aaatgtctct tattccagaa atgtgcattt tgtcatctat aagcaagaaa 720
    tatgggcata gcagctcttg gtttaaagtt tgccataacc tgttcatggt tgttttaagc 780
    tcaggtaaag ataacctcct ctttctatga ctccagtttc cattcagggt atagtattat 840
    tcaatagttg attttctttt taagctgggc aataaattga tgtttccaga tggtaacatg 900
    ggagagggca tataggataa agatgagcaa attctacct aaaaatgttc tagtagttca 960
    caggaagaag atgaggttta ataactttca aggttaattct agattgacat tttgagggga1020
    aaatgggctc ttgttctagt tgaagtgagc agagaaggct ataaattaat atgtaactta1080
    cagcattcca gaggttaaaa ataactgatg cagatgtact tcttcagtgt gattcttcag1140
    atcaaacttt tacttttggc atagttaatt tcagaaaaat gtgctgtatg tgtgtgtgtal200
45  tgagggttgg tcttgctgat ccttcagtta gctctaaatt ctggcaactc cttgtaattc1260
    ccatgtatth gataccatga accaatcatg ttgaatgcgt ttggtgatct ggggagcctc1320
    cccgtcttc ccagg                                     1335
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

```

ggcttggtggc ggctctgcc caggggcagg tgttgagggg ctcccgggtcc ggctgcccgc 60
gctccccgcg tccggacccg gggctcccc tagcgccgct gaggagccgc ctctgcggtc 120
caggagggcg caggagcggg actgagagcg cctggaggct cgagcagagg atagaaggac 180
aaggacagaa tcaccagcac tggctgaagg taccttaaca tggggaatct tcttaaagtt 240
ttgacatgca cagacctga gcaggggcca aattttttcc ttgattttga aaatgccag 300
cctacagagt ctgagaagga aatttataat caggtgaatg tagtattaaa agatgcagaa 360
ggcatcttgg aggacttgca gtcatacaga ggagctggcc acgaaatacg agaggcaatc 420
cagcatccag cagatgagaa gttgcaagag aaggcatggg gtgcagttgt tccactagta 480
ggcaaattaa agaaatttta cgaattttct cagaggttag aagcagcatt aagaggtctt 540
ctgggagcct taacaagtac cccatattct cccacccagc atctagagcg agagcaggct 600
cttgctaaac agtttgacga aattcttcat ttcacactcc ggtttgatga actcaagatg 660
acaaatcctg ccatacagaa tgatttcagc tattatagaa gaacattgag tcgtatgagg 720
attaacaatg taccggcaga aggagaaaat gaagtaaata atgaattggc aaatcgaatg 780
tctttgtttt atgctgagcg aactccaatg ctgaaaacct tgagtgatgc cacaacaaaa 840
tttgatatcag agaataaaaa tttaccaata gaaaatacca cagattgttt aagcacaatg 900
gctagtgtat gcagagtcac gctggaaaca ccggaataca gaagcagatt tacaatgaa 960
gagacagtgt cattctgctt gagggtaatg gtgggtgtca taatactcta tgaccacgta 1020
catccagtgg gagcatttgc taaaacttcc aaaattgata tgaaagggtt tatcaaagtt 1080
cttaaggacc aacctcctaa tagtgtgaa ggtcttctaa atgctctcag gtacacaaca 1140
aaacatttga atgatgagac tacctccaag caaattaaat ccattgctga ataacaattc 1200
tggaataagc acctgctgta gacagaagac agtattctgc aatgactgag aatgcagttt 1260
tttagtgatt gcaattacta tctcatttat tcttgctttt atttctttcc tctgttcctc 1320
ttccctcttt tttaatcatg ttcttaagac ttcttttctg tgccaaaatc agtaaagtta 1380
cactctgaag ggatatcatc ctttcaaacg ggccatctaa ggcagcta atgcattgct 1440
attgggggtc ctactgagaa aaattctgtg acttgaacta aatattttta aatgtggatt 1500
ttttttgaaa ctaatattta atattgcttc tctgcatgg caaaactgcc tattctgcta 1560
tttaaaaacc ctcaatgact ttattttcta ctgccgcctt tttcatgtgc aacaaaaatg 1620
aaaatgttta aattaactgt gttgtacaaa tggtagccaa cacaaacttt ttttaaat 1680
gtaatacttt tgtttaaagt ttttaagttg cattttgact tttttgttaa ggatgtatgt 1740
tgtgtgttta acctttatta actaacgtta aaagctgtga tgtgtgcgta gaattattacg 1800
tatgcatgtt catgtctaaa gaatggctgt tgatgataaa ataaaaatca gctttcattt 1860
ttctaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1829 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

```

15  gaccaacctg acgcagatcg agctgcgggg caaccggctg gagtgccctgc ctgtggagct 60
    gggcgagtgcc ccaactgctca agcgcacggc ttggtggttg aggaggacct gttcaacaca 120
    ctgccaccocg aggtgaagga gcggctgtgg agggctgaca aggagcaggc ctgagcgagg 180
    ccggcccgagc acagcaagca gcaggaccgc tgcccagctcc tcaggcccgc aggggcaggc 240
    ctagctttctc ccagaactcc cggacagcca ggacagcctc gtggctgggc aggagcctgg 300
20  ggccgcttgt gagtcaggcc agagcgagag gacagtatct gtgggctggg ccccttttct 360
    ccctctgaga ctacgtccc ccaggccaag tgcttggtga ggagagcaag tctcaagagc 420
    gcagtatttg gataatcagg gtctctccc tggaggccag ctctgcccc ggggctgagc 480
    tgccaccaga ggtcctggga ccctcacttt agttcttggt atttattttt ctccatctcc 540
    cacctccttc atccagataa cttatacatt cccaagaaag ttcagcccag atggaagggtg 600
25  ttcagggaag ggtgggctgc cttttccctt tgctcttatt tagcgatgcc gccgggcatt 660
    taacaccacac ctggacttca gcagagtggg ccggggcgaa ccagccatgg gacggtcacc 720
    cagcagtgcc gggctgggct ctgcgggtgc gtccacggga gagcaggcct ccagctggaa 780
    aggccaggcc tggagcttgc ctcttcagta tttgtggcag ttttagtttt ttgttttttt 840
    ttttttaatc aaaaaacaat ttttttaaaa aaaaaagctt tgaaaatgga tgggtttgggt 900
30  attaaaaaga aaaaaaaaac ttaaaaaaaa aaagacacta acggccagtg agttggagtc 960
    tcagggcagg gtggcagttt cccttgagca aagcagccag acgttgaact gtgtttcctt1020
    tccctgggag cagggtgcag ggtgtcttcc ggatctggtg tgaccttggg ccaggagtct1080
    tattttgttc tggggaggga gttttttttg gtgtcttgtt ttctttctcc tccatgtgtc1140
    ttggcaggca ctcatctctg tggctgtcgg ccagagggaag tgttctggag ctgccaaggal200
35  gggaggagac tcgggttggc taatccccgg atgaacggtg ctccattcgc acctccccct1260
    ctctgtcctg ccctgcctct ccacgcacag tgtaaggag ccaagaggag ccacttcgcc1320
    cagactttgt ttccccaccg cctgcggcat ggggtgtgtc agtgccaccg ctggcctccg1380
    ctgcttccat cagccttgtc gccacctggt ccttcatgaa gagcagacac ttagaggctg1440
    gtcgggaatg gggaggctgc ccctgggagg gcaggcggtg gttccaagcc ggttcccgtc1500
    cctgggcgct ggagtcacac cagcccagtc ggacacctgg ggctggaagc caccctgctt1560
    tagatcactc ggggtccccc cttagaaggg tccccgcctt agatcaatca cgtggacact1620
    aaggcacgtt ttagagtctc ttgtcttaat gattatgtcc atccgtctgt ccgtccattt1680
    gtgtttttct cgctgtgtca ttggatataa tcttcagaaa taatgcacac tagcctctga1740
    caaccatgaa gcaaaaatcc gttacatgtg ggtctgaact ttagactcgc gtcacagtat1800
45  caaataaaat ctataacaga aaaaaaaaaa 1829
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

(A) LÄNGE: 2358 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2385

```

cgaaacgccg cggagtgagg cagttccgct ggctagtgtg tacgcggcga gcttctcccc 60
gcgccgcccc ctccgctccc atagcgcccc cgacagggtc cggacgccgc ccgaacatgg 120
15 actccgcccc ccaagatatc aacctgaatt ctccctaaca aggtctgctg tctgactcca 180
tgacggatgt tcctgtcgac acagggtgtg ctgcccggac tcctgctgtt gagggctctga 240
cagaggctga ggaggaggag ctccagggtg agcttaccac ggtggaagag gaaattgtca 300
ctctgcgcca ggtcctggca gccaaaggaga ggcactgtgg agagctcaag aggaggctgg 360
gcctctccac cctgggggag ctgaaacaga acctgtccag gagctggcat gacgtgcagg 420
20 tctctagcgc ctatgtgaaa acttctgaga aacttgagga gtggaatgag aaagtgaccc 480
agtcagacct ctacaagaag actcaggaaa ctctttcaca ggcaggacag aagacttcag 540
ctgccctgtc cacagtgggc tctgccatca gcaggaagct tggagacatg aggaactctg 600
cgaccttcaa gtcgtttgag gaccgagttg ggaccataaa gtctaagggt gtgggtgaca 660
gagagaacgg cagtgacaac ctcccttcct cagcggggag tggtgacaag cccctgtcgg 720
25 atcccgccac tttctaagcc tgtggttgct tcacccgctg cagagcacac gcaacccagc 780
ctcagcatca cagccgcagc tctgttcagc ggagcagcca gccaggggcg atgagcagag 840
ccggccctga ggacagtcct gcccatccac gcggagatgt ggctgccgcg tttgcatgaa 900
tttgaagaac acaggcttgt acacagatgt tttacactca cgtttgtaga tgaaacagat 960
cactgtgctg tccttcctag ggggtgcagga agtggacagg gcggagggtt tgaaagaata1020
30 ttgagccaaa gccagggtc cctttgggaa tcatgttagc ccatcagaat gttgaaggat1080
tgaagagttc taagcataaa ataagtggca ttttctgact tcttctcctc cctccttccc1140
tgactcacag aaggaatgca atcaccagc aagtcctacc tgttacgcaa ttttttatct1200
caaaatgccg aacgagaaaa ctgtccattt tctgagaccc ccagaaagga aactgaccct1260
cagcagctgc ctgattgtta cgcgaatcta gctttaacgg aagcaaattc attatttttt1320
35 aaatgcagtg gacttttcaa aaagttaa ttaggcaaag cagcttttag ctcatagaat1380
attatttctt tggactcaag ctgaaataca agccttacat tgccttatgc tttatttctt1440
tctaattttt atatgtatat agatgagggt tccttaatgg ttgtgagcat tgtgtggaat1500
tttacacctg gctgcgtgg cagcctcttc cagttgaggt gttttatgtc acgcacactc1560
catcccgatg tacaaaacct gcttctcttc tcaaccgtgg cagctccgcg tggctcctat1620
40 gccctgccct aaagggctct tgagcctctg ggaatgggag gggccaagag aaggaaaacc1680
ctgtctttag caccctttaa aagaactgtg cccccctct cagtgtgcc tttgcatggg1740
cctggccccg ctgcattcg tcagtgactc caaccctcct gcttgctgta cttgggatga1800
aacgacccca caggtcaggt ggagggtggg gcgtgggcac cagccaggat tgccgttacal860
gtctttttct caggagctac aaagatctct tcctgttact aaatggtcgc accccagcag1920
45 cctctctcgc acaccggggc cctgcatgtc agatggcgtg gtctgcaggg ggagctctgt1980
gccttagtgg ctcttggcag gacactgagg gcctgcctgt ggtgtgcccg gctctgccac2040
tcccgggagg ggaagggtct ctccagctcaa ggtgtcctgt tcggtagagc aagtgtcctc2100
tgacagccgt gtccccggac agttcagaca cccttgggga tggcactcca cacacgacag2160
agatgcaggg gccagggaag cccagcgtc ggtgcccttc gtccagggtt aaaatcggcc2220
50 tgtggggtgt ggtgagaagg caggttgtgc ggggtgtgac cgatgtatct tttccttaaa2280
gttattataa taatgggtaa tttgtcaata aagcattcct ttgggggaaa aaaaaaaaaa2340
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa
2358

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1646 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

```

cagctgcgga actgcgcgat tgtgggtccc gcggtatttc ccgttcccca tctagtaact 60
cccatctcag cccacgtatc tccctgagtg gaaatctcgg gccccagacc agtcgattgg 120
gaggtccgcc ctccccctca gcgacttggt ctgtgttttg gcagttgccg cgacaacagt 180
cacttccggg aagggggtct gcgaatctcc ttccgtcggg ccgctcagaa tcagctgtcc 240
tctcagactg tgtgggtggt ttccccggcc gcagctccgt acgggcttgg attgctgggc 300
ctcgggtgcac cccagcctcc cccactcggg ttctgagctt gagctggcgg ctctttaact 360
ctgcttcact gttgctcttg gcaacatcca cttccgggag cgagtgccgt ttcccccgct 420
25 caccgcgggc tagggagcgt gggattccgg actgtgagcg gctgttagtg cgtcgcagct 480
gctggcgatc cggcgaccct cggccggcag gaccgcggg ccacgcagcc ggggccttct 540
caacgcctca gtacctcggc gggaccgcca tggttctgct gcacgtgaag cggggcgacg 600
agagccagtt cctgctgcag gcgcctggga gtaccgagct ggaggagctc acggtgcagg 660
tgccccgggt ctataatggg cggctcaagg tgcagcgctt ctgctcagaa atggaagaat 720
30 tagccgaaca tggcataatt ctccctccta atatgcaagg actgaccgat gatcagattg 780
aagaattgaa attgaaggat gaatgggggt aaaaatgcgt acccagcggg ggtgcagtgt 840
ttaaaaagga tgatattgga cgaaggaatg ggcaagctcc aaatgagaag atgaagcaag 900
tgttaaagaa gactatagaa gaagccaaag caataatata taagaaacaa gtggaagccg 960
gtgtctgtgt taccatggag atggtgaaag atgccttgga ccagcttcga ggcgcggtga1020
35 tgattgttta ccccatgggg ttgccaccgt atgatcccat ccgcatggag tttgaaaata1080
aggaagactt gtcgggaaca caggcagggc tcaacgtcat taaagaggca gaggcgcact1140
gtggtgggca gccaaaggagc tgagaagaac gaagaagctt tcagactacg tggggaagaal200
tgaaaaaacc aaaattatcg ccaagattca gcaaagggga caggagagctc cagcccagaa1260
gcctattatt agcagtgagg agcagaagca gctgatgctg tactatcaca gaagacaaga1320
ggagctcaag agattggaag aaaatgatga tgatgcctat ttaaactcac catgggcgga1380
taacactgct ttgaaaagac attttcatgg agtgaaagac ataaagtgga gaccaagatg1440
aagttcacca gctgatgaca cttccaaaga gattagctca cttttctcct aggcaattat1500
aatttaaaaa aaaaaaaaag gccacttact gccctctgta aaagatgtta acatttctag1560
45 ttttctttta gtgtgaattt ttaaaatagc agttattcaa ggtttttagaa ctttaataaat1620
acctagtcag aagaaaaaaa aaaaaa 1646

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50 (A) LÄNGE: 3096 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

```

15 gcgggtgacg cgacgacggc tcgacacttt gctacggagt gcatcggacg tcgaagccta 60
   gagtctctgc gtctttccct cttccgctgc ctcattcctt tccttcctag ccttggtcgt 120
   cgccgccacc atgaacaaga agaagaaacc gttcctaggg atgcccgcg cctcggcta 180
   cgtgccgggg ctgggccggg gcgccactgg cttcaccacg cggtcagaca ttgggcccgc 240
   ccgtgatgca aatgacctg tggatgatcg ccattgacccc ccaggcaaga gaaccgttg 300
   ggaccagatg aagaaaaatc aggctgctga cgatgacgac gaggatctaa atgacaccaa 360
20 ttacgatgag tttaatggct atgctgggag cctcttctca agtgaccct acgagaaaga 420
   tgatgaggaa gcagatgcta tctatgcagc cctggataaa aggatggatg aaaagaagaa 480
   agaaagacgg gcacaaaggg agaaagaaga aatagagaaa tatcgtatgg aacgccccaa 540
   aatccaacag cagtctctcg acctcaagag gaagttggca gaagtcacag aagaagagt 600
   gctgagcatc cccgaggttg gcgatgccag aaataaacgt cagcgggaacc cacgctatga 660
25 gaagctgacc cctgttcctg acagtttctt tgccaaacat ttacagaccg gagagaacca 720
   tacctcagtg gatccccgac aaactcaatt tggaggtctt aacacaccct atccaggtg 780
   actaaacact ccatacccag gtggaatgac gccaggactg atgacacctg gcacagtga 840
   ctggacatga ggaagattgg ccaagcgagg aacactctga tggacatgag gctgagccag 900
   gtgtctgact ccgtgagtg acagaccgtc gttgacccca aaggctacct gacggattta 960
30 aattccatga tcccgaacac cggaggagac atcaatgata tcaagaaggc gcgactgctc 1020
   ctcaagtctg ttccgggagac gaacctcat caccgcgccg cctggattgc atcagccgc 1080
   ctggaagaag tcaactggga gctacaagta gctcggaaac ttatcatgaa ggggacggag 1140
   atgtgcccc aagatgaaga tgtctggctg gaagcagcca gggtgcagcc tggggacaca 1200
   gccaaaggcc tggtagccca agctgtccgt catctccac agtctgtcag gatttacatc 1260
35 agagccgcag agctggaaac ggacattcgt gcaaagaagc ggggttcttcg gaaagccctc 1320
   gagcatgttc caaactcggc tcgcttgttg aaagcagccg ttgagctgga agaacctga 1380
   gatgctagaa tcatgctgag ccgagctgtg gactgtgcc ccaccagcgt ggagctctgg 1440
   cttgctctgg caaggctgga gacctatgaa aatgcccgca aggtcttgaa caaggcggg 1500
   gagaacattc ctacagaccg acatatctgg atcacggctg ctaagctgga ggaagccaat 1560
40 gggaacacgc agatggtgga gaagatcatc gaccgagcca tcacctcgct cggggccaac 1620
   ggtgtggaga tcaaccgtga gcagtggatc caggatgccg aggaatgtga cagggtggg 1680
   agtgtggcca cctgccaggc cgtcatgcgt gccgtgattg ggattgggat tgaggaggaa 1740
   gatcgggaag atacctggat ggaggatgct gacagttgtg tagccacaa tgccctggag 1800
   tgtgcacgag ccattctacg ctacgccctg caggtgttcc ccagcaagaa gagtgtgtg 1860
45 ctgcgcgcgc cgtacttcga gaagaacat ggactcggg agtccctgga agcactcctg 1920
   cagagggctg tggcccactg ccccaaagca gagggtgctg ggctcatggg cgccaagtcc 1980
   aagtggctgg caggggatgt gcctgcagca aggagcatcc tggccctggc cttccaggcc 2040
   aacccaaca gtgaggagat ctggctggca gccgtgaagc tggagtccga gaatgatgag 2100
   tacgagcggg cccggaggct gctggccaag gcgcggacag tgccccacc gcccggtgt 2160
50 tcatgaagtc tgtgaagctg gactgggtgc aagacaacat cagggcagcc caagatctgt 2220
   gcgaggaggc cctgcggcac tatgaggact tccccaaagt gtggatgatg aaggggcaga 2280
   tcgaggagca gaaggagatg atggagaagg cgcgggaagc ctataaccag ggggtgaaga 2340
   agtgtcccca ctccacaccc ctgtggcttt tgctctctcg gctggaggag aagattgggc 2400
   agcttactcg agcacgggccc attttgaaa agtctcgtct gaagaacca aagaacctg 2460
55 ggctgtggtt ggagtccgtg cggctggagt accgtgcggg gctgaagaac atcgaaata 2520
   cactcatggc caaggcgctg caggagtgcc ccaactccgg tatcctgtgg tctgaggcca 2580
   tcttcctcga ggcaaggccc cagaggagga ccaagcgtg ggatgccctg aagaagtgtg 2640
   agcatgaccc ccattgtgctc ctggccgtgg ccaagctgtt ttggagtca cgaagatca 2700
   ccaaggccag ggagtgggtc caccgcactg tgaagattga ctcggaacct ggggatgcct 2760
60 gggccttctt ctacaagttt gagctgcagc atggcactga ggagcagcag gaggaggtga 2820
   ggaagcgctg tgagagtga gagcctcggc atggggagct gtggtgcgcc gtgtccaagg 2880

```

acatcgccaa ctggcagag aagatcgggg acatccttag gctggggcc ggccgcatca2940
 agaacacctt ctgattgagc ggttgccatg gccggtctcc gtggggcagg gttgggccc3000
 atgtggaagg gctctgagct gtgtcctcct tcattaaaag tttttatgtc tcgtgtcaga3060
 aaaaaaaga aaagaaaaaa gggggcgccc gggggc 3096

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

30 gcgctcgctg aggcaagagg agggcactcg gccgcggcct gacagggact tagcccacag 60
 agaccggccc gcgcgcgcga cccacacccc acccactcgt ccacctaccc actccccgcg 120
 ccgcctcctc ccacctgag cagagccacc gaggatgata aacacccagg acagtagtat 180
 tttgccgttg agtaagtgtc ccagctcca gtgctgcagg cacattgttc cagggcctct 240
 gtggtgctcc tgatgcccc caccactgt cgaagatccc cggggggcga gggggcgca 300
 35 gggatccttc tctctcagct ctaatatata aggacgagaa gctcactgtg acccaggacc 360
 tccctgtgaa tgatggaaaa cctcacatcg tccacttcca gtatgaggtc accgagggtga 420
 aggtctcttc ttgggatgca gtctgtcca gccagagcct gttttagtaa atcccagatg 480
 gattattagc tgatgggagc aaagaaggat tgtagcact gctagagttt gctgaagaga 540
 agatgaaagt gaactatgtc ttcatctgct tcaggaagg ccgagaagac agagctccac 600
 tcctgaagac cttcagcttc ttgggctttg agattgtacg tccaggccat ccctgtgtcc 660
 cctctcgcc agatgtgatg ttcatggttt atcccctgga ccagaacttg tccgatgagg 720
 actaatagtc atagaggatg ctttacccaa gagccacagt gggggaagag ggggaagttag 780
 gcagccctgg gacagacgag agggctcctc gctgtctagg gaaggacact gaggggtca 840
 ggggtgagggt tgctattgtg gttctcggag ttgactcgtt gaaattgttt tccataaaga 900
 45 acagtataaa catattattc acatgtaatc accaatagta aatgaagatg tttatgaact 960
 ggcattagaa gctttctaaa ctgcgctgtg tgatgtgttc tatctagcct aggggaggac1020
 attgcctaga gggggaggga ctgtctgggt tcaggggcat ggccctggagg gctggtgggc1080
 agcactgtca ggctcagggt tccctgctgt tggctttctg ttttggttat taagacttgt1140
 gtattttctt tctttgcttc ctgtcacccc aggggctcct. gagtataggc ttttcagtcct1200
 50 ctgggcagtg tecttgagtt gttttttgac actcttacct gggcttctct gtgtgcattt1260
 gcgtctggcc tggagtaagc aggtccgacc cctcctctt taccagcttag tgttattctg1320
 gcatattgggt aagctggctt aatctgttta atgttatcag tacattttta ataggggcat1380
 tgaaatttac tcccaccacc agggcttttt tgggggatgc ctgggccttt aaaacactag1440
 ccaaactcta attaatctc aaatcactgc caggagtctt tgctcctggc tgcaggccca1500
 55 ggccccaagg tctccttctt ggggtcacaa acagcagtaa ggaagaggaa tatatagcaa1560
 ctgagggcct gggaattgtg gggcaatccg ttcttaggga ctggatactt ctggctggct1620
 gagtatagta ctagctgcct ccccaccagg ttccgagtag tgtctgagac tctgctctgc1680
 agggcctagg gtagcgctgg gagtgtagaa gtggcctgcc cttaactgtt ttcactaaac1740
 agctttttct aaggggagag caagggggag agatctagat tgggtgaggg ggacggggat1800

gtcagggagg caagtgtgtt gtgttactgt gtcaataaac tgatttaaag ttgtaaaaaa1860
 aaaagaaagg gggggggtgg aggggagggg gggggaaaag aaaaaa 1906

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 545 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

tttttttaaat actaaattgg aacattttaat tccatattaa tacaaggggt ttgaactgga 60
 catcctaata atgcaattac gtcacacccc agctgattcc ggggtggttg caaactcatc120
 gtgtctgtcc tgagaggctc cacaatgccc acccgcatcg ccattctgta gtcttcagggl80
 tcagctgttg ataaaggggc aggcttgctg tattggccta gattttgctg cagattaaat240
 cttttgagga ttctcttctc ttttaccatt tttctgctg ctctcactct ctctttctct300
 ctctagcttt ttaattcatg aatattttcg tgtctgtctc tctctctctc tgtgtttcct360
 ccagcccttg tctcgagac ggtgttttcc tcccttgccc cattatcttt tcacctcca420
 ggtctaccat ttcattggtg gtcgttggg gtccgcctaa aggaagtgtg aggcgttttg480
 gccagttgga aaggattagg tgtgggtgg caattcgggg gtccatgta ggggagtggg540
 gtggc 545

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 349 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

gctaagagga caagatgagg cccggcctct catttctcct agcccttctg ttcttccttg 60
 gccaaagctgc aggggatttg ggggatgtgg gacctccaat tcccagcccc ggcttcagct120
 ctttcccagg tggtgactcc agctccagct tcagctccag ctccaggctg ggctccagct180
 ccagccgcag cttaggcagc ggaggtttctg tgtcccagtt gttttccaat ttcaccggct240
 ccgtggatga ccgtgggacc tgccagtgtc ctgtttccct gccagacaac aactttcccg300
 tggacagagt ggaacgttgg aattcacagc tcatagttat ttctcagag 349

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2142 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

cagacccaga aagtagtgac cagccctcct cggattaccc ttcataggct cctcccttgc 60
 gccgcccacc ctccagattt gcataaaaaa ggccaagaaa actctggctg tgccccagca 120
 acggctcatt ctgctccccc gggtcggagc cccccggagc tgcgcgcggg cttgcagcgc 180
 ctgcgccgcg ctgtcctccc ggtgtccgcg ttctccgcgc cccagccgcc ggctgccagc 240
 ttttcggggc cccgagtcgc acccagcgaa gagagcgggc ccgggacaag ctcgaaactcc 300
 ggccgcctcg cctttccccc gctccgctcc ctctgcccc tcggggtcgc gcgccacga 360
 tgctgcaggg ccttggtctg ctgctgtgc tcttcctcgc ctgcactgc tgccctgggt 420
 cggcgcgcgg gctcttcttc tttggccagc ccgacttctc ctacaagcgc agaattgcaa 480
 gcccatcccc gccaacctgc agctgtgcca cggcatcgaa taccagaaca tgcggctgcc 540
 caacctgctg ggccacgaga ccatgaagga ggtgctggag caggccggcg cttggatccc 600
 gctggtcatg aagcagtgcc acccggacac caagaagttc ctgtgctcgc tcttcgcccc 660
 cgtctgcctc gatgacctag acgagaccat ccagccatgc cactcgctct gcgtgcagg 720
 gaaggaccgc tgcgcccccg tcatgtccgc cttcggcttc ccctggcccc acatgcttga 780
 gtgcgaccgt ttccccccag acaacgacct ttgcatcccc ctgcctagca gcgaccacct 840
 cctgccagcc accgaggaag ctccaaaggt atgtgaagcc tgcaaaaata aaaatgatga 900
 tgacaacgac ataattgaaa cgctttgtaa aaatgatttt gcaactgaaaa taaaagtga 960
 ggagataacc tacatcaacc gagataccaa aatcatcctg gagaccaaga gcaagaccat1020
 ttacaagctg aacgggtgtg ccgaaaggga cctgaagaaa tcggtgctgt ggctcaaaga1080
 cagcttgtag tgcacctgtg aggagatgaa cgacatcaac gcgccctatc tggctcatggg1140

acagaaacag ggtggggagc tggatgatcac ctccggtgaag cgggtggcaga agggggcagag1200
 agagttcaag cgcattctccc gcagcatccg caagctgcag tgctagtccc ggcatcctga1260
 tggctccgac aggcctgctc cagagcacgg ctgaccattt ctgctccggg atctcagctc1320
 ccgttcccca agcacactcc tagctgctcc agtctcagcc tgggcagctt cccctgcct1380
 5 tttgcacgtt tgcattcccca gcatttctct agttataagg ccacaggagt ggatagctgt1440
 tttcacctaa aggaaaagcc caccggaatc ttgtagaaat attcaaacta ataaaatcat1500
 gaatatTTTT atgaagttta aaaatagctc actttaaaagc tagttttgaa taggtgcaac1560
 tgtgacttgg gtctgggtgg ttgttggttg ttgttttgag tcagctgatt ttcacttccc1620
 actgagggtg tcataacatg caaattgctt caattttctc tgtggcccaa acttgtgggt1680
 10 cacaaaccct gttgagataa agctggctgt tatctcaaca tcttcatcag ctccagactg1740
 agactcagtg tctaagtctt acaacaattc atcattttat accttcaatg ggaacttaaa1800
 ctgttacatg tatcacattc cagctacaat acttccattt attagaagca cattaaccat1860
 ttctatagca tgatttcttc aagtaaaagg caaaagatat aaattttata attgacttga1920
 gtactttaag ccttggttaa aacatttctt acttaacttt tgcaaattaa acccattgt1980
 15 gcttacctgt aatatacata gtagtttacc tttaaaagt gtaaaaatat tgctttaacc2040
 aacactgtaa atatttcaga taaacattat attcttgtat ataaacttta catcctgttt2100
 tacctataaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaagg aa 2142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1111 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

45

50

55

cgtgggagaa catgggagct gttcctcgcg ggccgcgggg tgctgggtcac cggggcaggc 60
 aaaggtatag ggccgcggcac ggtccaggcg ctgcacgcga cgggcgcgcg ggtgggtggc 120
 gtgagccgga ctgagcgga tcttgacagc cttgtccgcg agtgcccggg gatagaacct 180
 gtgtgcgtgg acctgggtga ctgggaggcc accgagcggg cgctgggagc cgtggggccc 240
 gtggacctgc gcggagactg cgccgacatg gagctgttcc tcgcggggccg ccgggtgctg 300
 gtcaccgggg caggcaaagg tataggggcg ggacaggtcc aggcgctgca cgcgacgggc 360
 gcgcgggtgg tggctgtgag ccggactcag gcggatcttg acagccttgt ccgcgagtgc 420
 ccggggatag aaccctgtg cgtggacctg ggtgactggg aggccaccga gcgggcgctg 480
 ggcagcgtgg gccccgtgga cctgctgggt aacaacgccc ctgtcgccct gctgcagccc 540
 ttcttgaggg tcaccaagga ggcttttgac agatcctttg aggtgaacct gcgtgcggtc 600
 atccaggtgt cgcagattgt ggccaggggc ttaatagccc ggggagtccc aggggccatc 660
 gtgaatgtct ccagccagtg ctcccagcgg gcagtaacta accatagcgt ctactgctcc 720
 55 accaagggtg ccctggacat gctgaccaag gtgatggccc tagagctcgg gccccacaag 780
 atccgagtga atgcagtaaa cccacagtg gtgatgacgt ccatgggcca ggccacctgg 840
 agtgaccccc acaaggccaa gactatgctg aaccgaatcc cacttggcaa gtttgcgtgag 900
 gtagagcacg tgggtgaacgc catcctcttt ctgctgagtg accgaagtgg catgaccacg 960
 ggttccactt tgccgggtga agggggcttc tgggcctgct gagctccctc cacacacctc1020

aagcccatg ccgtg t cctaccccca atccctccaa taaac at tctgctgccc1080
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaag g 1111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 657 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

```

atttaaagcc tggattgtaa ccagattttc ttttttcccc cttctcagct gtagatatga 60
tatctccttt cagggcccca gcttaagggc aaagtgagtt aatgtgtaga caaaggcgag120
ggacaagaga gagttaacat ctagacagtg gaaaaagcca tgggtgtgtg tttctgggaa180
ccaccaacac ttgcagggtt agctttttcc cagggttgac tacaagaaag aaaaccatgt240
ttttgcaaga ttaaaatgtg gttgagtggt cctaaattaa ccatcccat ttttatcata300
tttccaccat cacttcaggg ttttaagagt cagtgtcac ctgggcggac tggtagtaca360
ttttgcttct tagaaagcta agtcctgggt tccgtctgat tttaggttcc aggaacttcc420
tgagaacacc cgatcgacga gggtaatttt ctggagtttg ttttgcaggg atagctggga480
gtatggccac cctgtccac gatgcggtaa tgaatccagc agaagtgggt aagcagcgct540
tgcagatgta caactcgag caccggtcag caatcagctg catccggaag gtgtggagga600
ccgaggggtt gggggccttc taccggagct acaccacgcc gagccctatc tcgtgcc 657
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 863 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

```

10 gcgggtcggta gtgcggcgct gtttaaagat ggcgggcgag gaacctcāgc āgcagaagca 60
   ggagccgctg ggcagcgact ccgaagggtg taactgtctg gcctatgatg aagccatcat120
   ggctcagcag gaccgaattc agcaagagat tgctgtgcag aaccctctgg tgtcagagcg180
   gctggagctc tcggtcctat acaaggagta tgctgaagat gacaacatct atcaacagaa240
   gatcaaggac ctccacaaaa agtactcgta catccgcaag accaggcctg acggcaactg300
   tttctatcgg gctttcggat tctcccactt ggaggcactg ctggatgaca gcaaggagtt360
15 gcagcgggttc aaggctgtgt ctgccaagag caaggaagac ctggtgtccc agggcttcac420
   tgaattcaca attgaggatt tccacaacac gttcatggac ctgattgagc aggtggagaa480
   gcagacctct gtcgccgacc tgctggcctc cttcaatgac cagagcacct ccgactacct540
   tgtgtgtctac ctgcggctgc tcacctcggg ctacctgcag cgcgagagca agttcttcga600
   gcaattcatc gaggggtggac ggactgtcaa ggagttctgc cagcaggagg tggagcccat660
20 gtgcaaggag agcgaccaca tccacatcat tgcgctggcc caggccctca gcgtgtccat720
   ccaggtggag tacatggacc gcggcgaggg cggcaccacc aatccgcaca tcttccctga780
   gggcttcoga gcccagggtc ttaccttgtt ttaaccggct tggggcaatt taggtattgc840
   tttttacaaa taggggtttg gtt                                     863

```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1015 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

```

50 aattcggaac gagggcgccct gcaagccatg atgacccacc tgcattgtgaa gtctacagaa 60
   cccaaagctg cccctcagcc cctgaatctg gtatcaagtg taccctctc caagtccgca 120
   tcggaggctt ctccacagag cttacctcat actccaacga ccccaaccgc cccctgact 180
   cccgtcacc caggccctc tgtcatcaca accaccagca tgcacacggt gggaccatc 240
   cgcaggcggg actcagacaa atacaacgtg cccatttcgt cagcagatat tgcgcagaac 300
   caagaatttt ataagaacgc agaagttaga ccaccattta catatgcac ttttaattagg 360
55 caggccattc tcgaatctcc agaaaagcag ctaacactaa atgagatcta taactgggtc 420
   acacgaatgt ttgcttactt ccgacgcaac gcggccacgt ggaagaatgc agtgcgtcat 480
   aatcttagtc ttcacaagtg ttttgtgcga gtagaaaacg ttaaaggggc agtatggaca 540

```

```

gtggatgaag tagaa      a aaaacgaagg ccacaaaaga tcagt      a cccttcctt 600
attaaaaaca tgcagagcag ccacgcctac tgcacacctc tcaatgcagc tttacaggct 660
tcaatggctg agaatagtat acctctatac actaccgctt ccatgggaaa tcccactctg 720
ggcaacttag ccagcgcaat acgggaagag ctgaacgggg caatggagca taccaacagc 780
5 aacgagagtg acagcagtc aggcagatct cctatgcaag ccgtgcatcc tgtacacgtc 840
aaagaagagc ccctcgatcc agaggaagct gaagggcccc tgtccttagt gacaacagcc 900
aaccacagtc cagattttga ccatgacaga gattacgaag atgaaccagt aaacgaggac 960
atggagtgcac tatcggggcg ggccaacccc gagaatgaag attggaaaaa aaaaa      1015

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2532 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

```

35 gctcgatgtg caagtgaagg atgattccag ggccctgact ttaggagcac tgacgctgcc 60
tctggcccg cgtgctgactg cccagaact catcctggac cagtggttcc agctcagcag 120
ctctgggtcca aactccagac tctatatgaa actagtcatg aggatccctgt acttggattc 180
atcagaaata tgcttcccca cgggtgcctgg ttgtcctggg gcttgggacg tggacagtga 240
gaatccccag agaggcagca gtgtggatgc cccacctcga ccctgtcaca cgactcctga 300
tagccagttt gggactgagc atgtgcttcg gatccatgta ttagaggccc aggacctgat 360
tgccaaagac cgtttccttg ggggactggt gaagggcaag tcagaccctt atgtcaaact 420
aaagtgtgca ggacgaagct tccggagcca tgttgttcgg gaagatctca atccccgctg 480
gaatgaggtt tttgaggtga tgcgcacatc agttccaggc caagagctag aggttgaagt 540
ctttgacaag gacttggaca aggatgattt tctgggcagg tgtaaagtgc gtctcaccac 600
agtcttaaac agtggcttcc ttgatgagtg gctgaccctg gaggatgtcc catctggccg 660
45 cctgcacttg cgcctggagc gtctcaccct cgtcccact gctgctgagt tagaggaggt 720
gctgcagggt aatagtttga tccagactca gaagagtgcg gagctggctg cggccctgct 780
atccatctat atggagcggg cagaggacct cccgctgcga aaaggacca agcacctcag 840
cccttatgct actctcactg tgggagatag ttctcataaa accaagacta tttcgcaaac 900
50 tttagccctt gctctggatg agagtgcctc ctttctcatc aggaaaccac acactgagag 960
cctagagttg caggttcggg gtgagggcac tggcgtgctg ggctcattat ccctgcccct1020
ctcagagctc ctgctggctg accagctctg cttggaccgc ttggtttacac tcagcagtggt1080
tcaggggcag gtgctactga gagcacagct agggatcctg gtgtcccagc actcgggagt1140
ggaagctcat agccacagct acagccacag ctctctatcg ctgagtgaag aaccagagct1200
ctcgggggga cccctcaca tcacctctc agccccagag ctccggcagc gcctaacaca1260
55 tgttgacagt ccccttgagg ctccagccgg gcctctgggc caggtgaaac tgactctgtg1320
gtactacagt gaagaacgaa agctggtcag cattgttcat ggttgccggt cccttcgacal380
gaatggacgt gatcctcctg atccctatgt gtcactgttg ctactgccag acaagaaccg1440
aggaccaag aggaggacct cacagaagaa gaggaccctg agtcctgaat ttaatgaacg1500
gtttgagtgg gaactcccc tggatgaggc ccagagacga aagctggatg tctctgtcaal560

```

```

gtctaattcc tccttcatgt caagagagcg tgactgctgg ggaaggtgca gctggacctal620
gctgagacag acctttccca ggggtgtagcc cggtggtatg acctgatgga caacaaggac1680
aagggcagct cctaggagct ggcgagtcct agcctgactg ctctgtcttc ctgccttcgt1740
ctcgctccat caccgcctca atgtgatgag cctaaagcta gggccaagg gcagagcctg1800
5  tgcccttcag ccctttcacc taacaggccc atattcgggc ctttgctga ccaaagagaa1860
gaaccgtatg ttccctttac tgcacggcct ttatccttct gggcccctgg ggcggggacc1920
tgagctggct gtttcctgct ttgcctgcac attgttctcc cttcctccca actcctcagg1980
gccttctgta tctgtgcctg gccagtggca gcactagcag tggattagc ttatgcaaaa2040
tacagctttg gaaggatctt tttttcttta actagatggc caccttcttc cctaccacac2100
10 atgggtggga aggtggacag-gctaacctct ccagctgtga gcctcttaga ctactgcatg2160
tagcaaatgt tcagcagctc agggcccat gtccagttct gtcccactg tcctcaacc2220
tgtcctgaaa attctactgc tttgatggct ggggccagtc tcttgctact ttggaaactg2280
aggacgcgtg gattctactc aagcctccaa gtagtggcat atcagtcttg gagctcctag2340
ctgggtgatac ggagagggtc ttggaggact tgggacagca gggccaattt ttttgcccaa2400
15 gtgcctaggc tgctaactca ctgactagaa cttaatctgg tactttacag ttttgaccca2460
actctgccaa gccactggat cttacattaa acatcatact caaaaaaaaa aaaaataaaa2520
ataaaaaaaaa aa 2532

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 125 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

45

```

aaaaccacc cctgaatgaa taaaaggagc cctggctgga caaatggac ttgtcagtta 60
tgtttctcaa aggaggctc ccagggagg accacatgga ggtaaaaaa ataactgg120
cggcc 125

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 776 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

15 tttttttttt tttttttttt tttttttttt ttttgagaca aagtctcact gtgtcaccca 60
gactggaatg cagtgcacaca atctcggctc actgaaacct ctgccttcca ggttcaagct120
attctcatgc ctcagcctct caagtagctg ggactacaga tgtgggccac catgtctggc180
20 taattttttt ttttttttgt agagacaggg ttctgccatg ttgacgagac tggctctgaa240
ctcctggcct caagtgatct gccgcctcag cttctcaaag tactgggatt atataggcat300
gagccactga gcctggccct gaagcgtttt tctcaaaggc cctcagttag ataaattaga360
tttgcatct cctgtcctgg gccagggatc tctctacaag agcccctgcc cctctgttgg420
aggcacagt ttagaataag gaggaggagg gagaagagaa aatgtaaagg agggagatct480
ttcccaggcc gcaccatttc tgtcactcac atggaccaa gataaaagaa tggccaaacc540
ctcacaaccc ctgatgtttg aagagttcca agttgaagg aaacaaagaa gtgtttgatg600
25 gtgccagaga ggggctgctc tccagaaagc taaaatttaa tttctttttt cctctgagtt660
ctgtacttca accagcctac aagctggcac ttgctaaca atcagaaata tgacaattaa720
tgattaaaga ctgtgattgc caccaaaaaa aaaaaaaca gccaggaaaa aaaggg 776

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 629 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

55 cggctcgact tccgttactt gctgcggagg accgtgggca gccagggtcg gtgaaggatc 60
ccaaaatggc tgggcgaaaa cttgctctaa aaaccattga ctgggtagct tttgcagaga120
tcatacccca gaaccaaag gccattgcta gttccctgaa atcctggaat gagaccctca180
cctccagggt ggctgcttta cctgagaatc caccagctat cgactgggct tactacaagg240


```

ccaatgtggc caaggctggc ttggtggatg actttgagaa gaagtttaat gcgctgaagg300
ttcccgtgcc agaggataaa tatactgccc aggtggatgc cgaagaaaaa gaagatgtga360
aatcttgtgc tgagtgggtg tctctctcaa aggccaggat tgtagaatat gagaaagaga420
tggagaagat gaagaactta attccatttg atcagatgac cattgaggac ttgaatgaag480
5 ctttcccaga aaccaaatta gacaagaaaa agtatcccta ttggcctcac caaccaattg540
agaatttata aaattgagtc caggaggaag ctctggccct tgtattacac attctggaca600
ttaaaaaata taattatata aaaaaaaaaa 629

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 757 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

```

ggcgggggagc aggggggacac caggggtgaat caggaagacc cgaggggtgg cccccaccct 60
ttctccaccc acgcggcagg ttccagggtgc cctggctgga gtcagtcctc atcgtagtca120
35 gcaacaacat tgacgaggag gcgctggccc gactggccca ggagggcagt gaggtgaatg180
tcattggcat tggcaccagt gtggtcacct gcccacaaca gccttccttg ggtggcgtct240
ataagctggt ggccgtgggg ggccagccac gaatgaagct gaccgaggac cccgagaagc300
agacgttgcc tgggagcaag gctgctttcc ggctcctggg ctctgacggg tctccactca360
tggacatgct gcagttagca gaagagccag tgccacaggc tgggcaggag ctgaggggtg420
ggcctccagg ggcccaggag ccctgcaccg tgaggccagc ccaggtggag ccactactgc480
ggctctgcct ccagcaggga cagctgtgtg agccgtctcc atccctggca gagtctagag540
ccttggccca gctgtccctg agccgactca gccctgagca caggcggctg cggagccctg600
cacagtacca ggtggtgctg tccgagaggg tgcaggccct ggtgaacagt ctgtgtgcgg660
ggcagtcctc ctgagactcg gagcggggct gactggaaac aacacgaatc actcactttt720
45 ccccacagga agaggaggtg aggggaagagg gggggcg 757

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1262 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

```

15 aatttggtga agagtgattc tccctcatcc tctgcaaaca ttccataggc gataggaaga 60
   actatgcctc tgccaagctt tctgagttgc tgccagaaga agttgaagca gaagtgaag 120
   cagctgcaga gatatacaatg ggaacagagg ttccagaaga agatatttgc aatattctgc 180
   atctttgcac ccaggtgatt gaaatctctg aatatcgaac ccagctctat gaatatctac 240
   aaaatcgaat gatggccatt gcacccaatg ttacagtcac gggtggggaa ttagttggag 300
   cacggcttat tgctcatgca ggttctcttt taaatttggc caagcatgca gcttctaccg 360
   ttcagattct tggagctgaa aaggcacttt tcagagccct caaatctaga cgggataccc 420
   ctaagtattg tctcatttat catgcttcac tcgtgggcca gacaagtccc aaacacaaag 480
   gaaagatttc tcgaatgctg gcagccaaaa ccgttttggc tatccgttat gatgcttttg 540
   gtgaggattc aagttctgca atgggagttg agaacagagc caaattagag gccagggttg 600
25 gaactttgga agacagaggg ataagaaaaa taagtggac aggaaaagca ttagcaaaaa 660
   cagaaaaata tgaacacaaa agtgaagtga agacttacga tccttctggt gactccacac 720
   ttccaacctg ttctaaaaaa cgcaaaatag aacaggtaga taaagaggat gaaattactg 780
   aaaagaaagc caaaaaagcc aagattaaag ttaaagttga agaagaggaa gaagaaaaag 840
   tggcagaaga agaagaaaca tctgtgaaga agaagaagaa aaggggtaaa aagaaacaca 900
30 ttaaggaaga accactttct gaggaagaac catgtaccag cacagcaatt gctagtccag 960
   agaaaaagaa gaaaaagaaa aaaaagagag agaacgagga ttaacagaaa ggaattacga 1020
   ttatatcacc cggacacaca tcatgcttaa gattcaactg ggagcatacc agggatgctc 1080
   tctaacgtaa tcaagggaag gttcagtaag acaaagtgat ttatcatcta taacttcaaa 1140
   cctatttgtc ttgacatcaa ctctgttaac cttatgtcat catttcttag agtctttgat 1200
35 atacaaataa aattttcttt gtattttaaa acaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1262
   aa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1281 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

```

5      ggcggaagta gccgcaggca tggcgggcggc tatgccgctg ttgctctgct cgtcctgttg 60
      ctctctggggc ccggcggtg gtgccttgca gaacccccac gcgacagcct gcgggaggaa 120
      cttgtcatca ccccgctgcc ttccggggac gtagccgcca cattccagtt ccgcacgcgc 180
      tgggattcgg agcttcagcg ggaaggagtg tcccattaca ggctctttcc caaagccctg 240
10     gggcagctga tctccaagta ttctctacgg gagctgcacc tgtcattcac acaaggcttt 300
      tggaggaccc gatactgggg gccacccttc ctgcaggccc catcagggtgc agagctgtgg 360
      gtctgggttc aagacactgt cactgatgtg gataaatctt ggaaggagct cagtaatgtc 420
      ctctcaggga tcttctgcgc ctctctcaac ttcacgact ccaccaacac agtcaactccc 480
      actgcctcct tcaaaccctt gggctctggcc aatgacactg accactactt tctgcgctat 540
15     gctgtgctgc cgcgggaggt ggtctgcacc gaaaacctca cccctggaa gaagctcttg 600
      ccctgtagtt ccaaggcagg cctctctgtg ctgctgaagg cagatcgctt gttccacacc 660
      agctaccact ccaggcagt gcataccgc cctgtttgca gaaatgcacg ctgtactagc 720
      atctcctggg agctgaggca gacctgtca gttgtatttg atgccttcat cacggggcag 780
      ggaaagaaag actgggtccct cttccggatg ttctcccgaa ccctcacgga gccctgcccc 840
20     ctggcttcag agagccgagt ctatgtggac atcaccacct acaaccagga caacgagaca 900
      ttagagggtgc acccaccccc gaccactaca tatcaggacg tcatcctagg cactcggaag 960
      acctatgcca tctatgactt gcttgacacc gccatgatca acaactctcg aaacctcaac1020
      atccagctca agtggaagag acccccagag aatgaggccc cccagtgcc cttcctgeat1080
      gccagcgggt acgtgagtggt ctatgggctg cagaaggggg agctgagcac actgctgtac1140
      aacacccacc cataccgggc cttcccggtg ctgctgctgg acaccgtacc ctggtatctg1200
      cggctgttac atccactacc agcctgccc aaggaccgctg caacccacc tcctggagat1260
      getgattcag ctgccggcca a                                     1281

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 716 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

```

55     gggccccaga aagagaccaa tgtgttgtgc gacgggtggg tggcagtggc agtggcagat 60
      ggtaccaggc gccccagAAC tctaaggggc ctcaagtagt ttaaaacctc ggaggctgcc120
      tgacttgggg ccaagggttt ctatgctcag gcctgacccc tcatggatta gtttctgctg180
      gaaaaacttt ttctgccctc ggccaggtct ctatctcctt ctgccttaac atattttgga240
      aggttggttc ccagcagaga cggggccatg ggctcacact ctgacctctc ccacggcatt300
      agccctgtct cagcctctgg gctgttacgc aagttaattc ctgcacaaga ctcacaacag360

```

ggctgtggag gaagcagg agcccttttt atgcctctgt agtagctg agagaggccc420
 tctggccagc gtgagcctgc tggttcttcc cggactgtac caggccttga ggcggggtat480
 ggaaacgccc cactctgggg cctggccttg ggaaggggag gcggcagggg ttctttgggc540
 5 ttctcgaggg tataatctga gctctctggg gaacgtgtgt ccattttagt gcagtagtcc600
 gacacgtcgg gggactcaac tttaactgg gacaatctgt gtgtggtctg tttttagtaa660
 attcatccac acaagagagt ggaggcatga acaggggtgg ccttcctcgg atctca 716

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1160 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

tttgttgttg gagaaaggag agaaaggaaa ggcgcagggg ccgcccacc caccagcgca 60
 gagtcctgga gctgtgagga gattcggggc gtcaccctgc ctcccctgcg tcccggccacc 120
 ggccgcttct gtccctcgac ccattccaac aatctcgtaa aacatggtgg attactatga 180
 35 agttctaggc gtgcagagac atgcctcacc cgaggatatt aaaaaggcat atcggaaaact 240
 ggcactgaag tggcatccag ataaaaatcc tgagaataaa gaagaagcag agagaaaatt 300
 caagcaagta gcggaggcat atgaagtgtc gtcggatgct aagaaacggg acatctatga 360
 caaatatggc aaagaaggat taaatggtgg aggaggagggt ggaagtcat ttgacagtcc 420
 atttgaattt ggcttcacat tccgtaaccc agatgatgtc ttcagggaat tttttggtgg 480
 aagggaacca ttttcatttg acttctttga agaccctttt gaggacttct ttgggaatcg 540
 aagggtccc cgaggagca gaagccgagg gacggggtcg tttttctctg cgttcagtgg 600
 atttccgtct tttggaagtg gattttcttc ttttgataca ggatttactt catttgggtc 660
 actaggtcac gggggcctca cttcattctc ttccacgtca tttggtggtg gtggcatggg 720
 caacttcaaa tcgatatcaa cttcaactaa aatggttaat ggcagaaaaa tcaactacaaa 780
 45 gagaattgtc gagaacggtc aagaaagagt agaagttgaa gaagatggcc agttaaagtc 840
 cttaacaata aatggtgtgg ccgacgacga tgccctcgct gaggagcgca tgcggagagg 900
 ccagaacgcc ctgccagccc agcctgccgg cctccgcccg ccgaagccgc cccggcctgc 960
 ctcgctgctg agacacgcgc ctcaactgtc ctctgaggag gagggcgagc aggaccgacc1020
 tggggcaccc gggccctggg acccctcgg cgtccgcagc aggattgaaa gaaggtggca1080
 50 agaggaagaa gcagaagcag agagaggagt ttgaaggagg aaggaagttg gaccaaaggc1140
 attgattaga ccggattttt 1160

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1040 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

```

agcatccgct tccggttccc agactgaatt gtcagtgagc ggagtctgag gtcgctgtgg 60
actgcccact gggccttgcc cgagatggac agccggattc cttatgatga ctaccgggtg 120
gttttcttgc ctgcctatga gaatcctcca gcatggattc ctccctcatga gaggggtacac 180
caccgggact acaacaatga gttgacccag tttctgcccc gaaccatcac actgaagaag 240
cctcctggag ctgagttggg atttaacatc cgaggaggaa aggcctccca gctagggcatc 300
ttcatctcca aggtgattcc tgactctgat gcacatagag caggactgca ggaaggggac 360
caagttctag ctgtgaatga tgtggatttc caagatattg agcacagcaa ggctgttgag 420
atcctgaaga cagctcgtga aatcagcatg cgtgtgcgct tctttcccta caattatcat 480
cgccaaaaag agaggactgt gcactagaaa gttgcagccc acagcccttc atgtggactc 540
tgtcatgaca tgctaactag acttcagggg agccacttct gttttcagcc cctccctgga 600
atagtgaagt gggaggatgg ggagacagct aaccaactgc attacccaaa ccatattgca 660
cttttagttc ctagtttttc taggtgagct tcattccctg aaaggaggat gatgatattc 720
aggcataacc tagcctgtga ggaacctagt taggaaagac aactgacatt tattgaatat 780
catgcactag tcccttacat atgtcatatt ttaattatag aaatcagtag caaaaagaat 840
cttggggatt ttccatctga cttccctggc catcttatcc catccttgca ctaccagaag 900
attcatacac ttttgagact ccagtgagac gctgttttca ccccttcctc ctccatgcct 960
ctctcccaaa aagtaaaaca caatgctgaa gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaggggg 1020
gggccggccg gtgggtggtc                                     1040

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 1336 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

```

cgagggacag aacctggtgc aggaggagtt ggcgggccgc gggacccagc ccccggtccat 60
ccgcaacggc ctggacaaaag ccgcgaggtc cgcttcgagc gagctgagca ggccctgcgc 120
cggttcagcc agggcccccac acccgctgcc gctgtccccg agggcacggc agccgagggc 180
10 gctcccaggc aggaaaactg tgggtcccag cagggtccccg caggccgggc actagcacc 240
ctcccagcag ccccggtgcgc acctgcgggc ccctgacgga tgaggacgtg gtcaggctgc 300
ggccctgtga gaagaagcgg ctggacatcc gtggcaaaact ttacctggcc cccctcacca 360
cgtgtgggaa cctgccccttc cgacggatct gcaagcgctt cggggcggtat gtgacatgtg 420
gagagatggc cgtctgcacc aacctgctgc agggccagat gtccgagtggt gccctactca 480
15 aacgccacca gtgtgaggac atctttggcg tccagctgga gggcgcccttc cccgacacca 540
tgaccaagtg tgccgagctg ctgagccgca ccgtggaggt ggactttgtg gacatcaacg 600
tcggctgcc catcgacctc gtgtacaaga agggtggggg ctgtgccctc atgaatcgct 660
ccaccaagtt ccagcagatc gtccgtggca tgaaccaggt gctggatgtg ccgctgactg 720
tgaagatccg cacaggcgctc caggagcggt tgaacctggc gcaccgctg ctgcccagc 780
20 tgcgggactg gggcggtggca ctcgtcacgg aaatggggac atcttgtcat ttgaggatgc 840
caaccgcgcc atgcagactg gtgtcacccg gatcatgatt gcccggtggc cctgctcaa 900
gccgtggctc ttcacggaga tcaaggagca gcggcactgg gacatctcgt cgtccgagcg 960
cctggacatc ctgcgggact tcaccaacta cggcctggag cactggggct cggacacgca1020
gggcgtggag aagacccggc gctttctgct cgagtggctg tccttcctgt gccggtacga1080
tcccgtgggg ctgctggagc ggctcccaca gaggatcaac gagcggccgc cctactacct1140
gggccgcgac tacctggaga cgctgatggc cagccagaag gcagccgact ggatccgcat1200
cagcgagatg ctccctgggc cagtgcgcc caccctcgct tcttgccgaa gcacaaggcc1260
aacgcgtaca agtagcctca ggctttccca ggggcaccct ggggcgagga gagtacaata1320
aattttattc ttttaa 1336

```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

55

```

ggcagcccaa tgtctcctgc acgtgcaatg caaacgctct ttgttccaga gcatggagat 60
cacggagctg gagtttggtc agatcatcat catcggtgtg gtcacgtgcc tgctgagcca120
ctacaagctg tctgcacggt ccttcacatc cgggcacagc caggggcgga ggagagaaga180

```

```

5  tgccctgtcc tcagaaggat gcctgtggcc tcggagacac agtgtcaggc aacggaatcc240
   cagagccgca gtcttacgcc ccgcctcggc ccaccgaccg cctggccgtg cgcccttcgc300
   ccagcggagc gttttccacc gttgccagcc caatgtctcc tgcacgtgca actgcaaacg360
   ctctttgttc cagagcatgg agatcacgga gctggagttt gttcagatca tcatcatcgt420
   ggtggtcacg tgccgtgctga gccactacaa gctgtctgca cggtccttca tcagccggca480
   cagccagggg cggaggagag aagatgccct gtcctcagaa ggatgcctgt ggccctcgga540
   gagcacagtg tcaggcaacg gaatcccaga gccgcaggtc tacgccccgc ctccggcccac600
   cgaccgcctg gccgtgccgc ccttcgccc a gcgggagcgc ttccaccgct tccagcccac660
   ctatccgtac ctgcagcacg agatcgacct gccgcccacc atctcgctgt cagacgggga720
10 ggagccccc a ccctaccagg-gccctggac cttcaagggt cgggacccc aggaggagtt780
   ggaaattgaa cggggattgg gtgcggagac cc 812

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2681 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

```

gatgcttggt atcatcatca tgatgacgct gtgtgaccag gtggatattt atgagtgcct 60
cccatccaag cgcaagactg acgtgtgcta ctactaccag aagttcttcg atagtgcctg 120
cacgatgggt gcctaccacc cgctgctcta tgagaagaat ttggtgaagc atctcaacca 180
gggcacagat gaggacatct acctgcttgg aaaagccaca ctgcctggct tccggaccat 240
tcaactgctaa gcacaggctc ctcaactctt tccatcaggc attaaatgaa tgggtctcttg 300
gccacccag cctgggaaga acattttcct gaacaattcc agcctgctcc ttttactcta 360
ggggcctctg tcagcaagac catggggact tcaagagcct gtggtcagga aatcagggtc 420
agccttcct gtagccagac agtttatgag ccagagcct cctgccacac acatgcacac 480
45 atatctagca ttctttccag acagcatcct cccgccttc caccttggt gatgcaagg 540
ctatctctcc catcagggt gccaaagctg ggctttgttt ttcccagcag aatgatgcca 600
ttctcacaaa ccaatgctct atattgcttg aagtctgcat ctaaatattg atttcacgtt 660
ttaaagaaat tctcttaaat tacaattgtg ccaatgcag ggtggctctg gggggcaagt 720
aggtggtaca ggggattgga aacatgctcc gcgcctccag agaaaagttg ctcccgaggt 780
50 ccatgcccct ggaacgtgtt cctatcactc tggctggttg ggctggctct tagactgggt 840
gcttatgatt aaagggtctt ggtagccca ctttcctct cpatgtggag atggaaggta 900
gagaaggata cagtgtctat cctcaagttg ctacggttca gtgagagagg cagacatctg 960
aacaggcagg taggattcag tgtgctcagt gcactgggga tttggagaga gatgggcttg 1020
ctctctctgt gcacccagga gggccacgca cttaaaactg tgtttgtgga tcagagaagg 1080
55 ctttatagca cagggggcat tcagatgagt cttagaggaa gagaagaaac atggcaagca 1140
gattacatct gagccgtttg aattgtgttt ttctttcttc ccatgtttat tttctaagat 1200
ctacctgaac ttagagactc aagatatatt tttaggaaac ctctaccca tgtctgaggt 1260
agcaagtgca gcctcacgac agataccagg caatccagag ccacaaaacg tgattcctcc 1320
aggctctgcc tggcctgacc ctgtcctgtc agctgggttt acataccagt ccattctctc 1380

```

```

cttttcaata aatacccaaca aatctttctcc taaccaccat taaagcttt tttgctttaal1440
aagcatcctg accccaattt ctttgagctc acgggccttt tgctgaaggt ctctcaggg1500
gtagtggtgt ggctctctgg acttaacgtc actctcagag gtcagaacct tggagatcag1560
aactgattct caccagggtg gagagggtgt gtagcagatt gcaatgctct gcacctcttc1620
5 cttgcaagtg agcaacttca ggctctctgg gcagaggctg gccactgta gtttgagac1680
atgctctcca gatggtttta ctaagtcccc tctccctgat agggaaacct gctggaccag1740
cgcagcctgg gtgtggagag gttaaaagac ttgcacagga tcaccaagtc atgctgtaga1800
gccaggattc ctagaccag ggctctgcac tctcaaggct ggccccatgt gctcaaggg1860
atctaattgt tgggctccaa actaaccatc tcggagctgg gctcctcatt tactgccaaa1920
10 ccctcagctt atgtagctag aaagggccct ggagtgaaga agcctggatt ttcaaatga1980
tgctccccta ctgactagct gtgccactct gggcaaagtc tcttccttga gcctgtttcc2040
acacctgtaa agtggggatg atgacacct ctcactgctt ttgtgaggat tacaggaaag2100
cacctgtcct ggctctgtac ctggcacgta gtaggtgctc agttcatgct ggtttccttc2160
ctgccttttag tagggacctg ctctgtgctc acacctcggc tgcattgcacc ctgctgtgac2220
15 ggaggctagt gtggaagagg tcctgtcctc agggaattaa ctgtcttatt gggagacaac2280
aactgtcctc cttggaacac ccaagaaacc atgcaaagca gtggacaaca cagaacacgc2340
cctcctcctc gctgacctga gctccaatct gattctgctt gggaatgggc ggagcacgtg2400
ggctgcttaa ctgctgtata ggacaagccc cttaccctc tctggggcca tgaattcctg2460
gcttggttta tgttctgatt tgacacactg attttaatct tcgaatcatg acactgagtg2520
20 cagaggaggt ggcattccga cagcaggaca tacatgttgg tgtgaagact gggacgacac2580
tggttagaat ctagtcttta attattatta atataaagga tcaaattaat ttaaatatga2640
atccgaagtc cacagaactt taagtgtgtg gccggccatg t 2681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1407 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

```

cttgggacgg aagcctagct ggggtggggg cgccgggctg gagccttcgc aggggagcgg 60
gctcagtcac caccctgcgc ccagagtgta ctcagcccc acgtccccac ccatccccgg 120
50 ggagccaggg ccgagagggg aggtagataa gtgggggtggc agcctgggtc ggccagagag 180
ttcaggccac ccggccgga cgcctgccac ttgctgtcac tgtgccgtg tcatggcacg 240
ctccgggagt gccacgccac ctgcccgggc tccgggagcc cctccacgga gccccacca 300
gaggctggta caggatgtca gtgggcccct gagggagctg cgccctcggc tctgccacct 360
gcgaaaggga cctcagggtc atgggttcaa cctgcatagt gacaagtccc ggcccggcca 420
55 gtacatccgc tctgtggacc cgggctcacc tgccgcccgc tctggcctcc gcgcccagga 480
ccggctcatt gaggtgaacg ggcagaatgt ggagggactg cgccatgctg aggtggtggc 540
cagcatcaag gcacgggagg acgaggcccg gctgctggtc gtggaccccg agacagatga 600
acacttcaag cggcttcggg tcacacccac cgaggagcac gtggaaggtc ctctgccgtc 660
accgctcacc aatggaacca gccctgcccc gctcaatggg ggctctgcgt gctcgtcccc 720

```



```

aagtgaacctg cctgggttccg acaaggacac tgaggatggc agtgcctgga agcaagatcc 780
cttccaggag agcggcctcc acctgagccc cacggcggcc gaggccaagg agaaggctcg 840
agccatgcga gtcaacaagc gcgcgccaca gatggactgg aacaggaagc gtgaaatctt 900
cagcaacttc tgagcccctt cctgcctgtc tcgggaccct gggacccttc ccgcacggac 960
5 cttgggcctc agcctgcccc gagctcccc agcctcagtg gactggaggg tggctcctgcc1020
attgcccaga aatcagcccc agccccggtg agcccccatc ctgcccctgc ccaccaggta1080
ctgggggcct gtggcagcaa gataggggga gagagaccca gagatgtgag agagagtcag1140
agacagagac agagagagag agagagagac acagagagag acagagagag agcgagcgag1200
cgcgcggcag ccgcggggcg agggcctttg ctgctctgcc ggggcctgct gactgaaagg1260
10 aatttggtgt tttgcttttt ttccaaaaag atctccagct ccacacatgt ttccacttaa1320
taccagagac ccccccgctc aaagcccccc tccccggccc cttgggacgc gctctaaata1380
attgcaataa aacaaacctt tctctgc 1407

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1376 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

45

50

55

```

cgaagaagcc ccgccccgct ccgcttagac aatgccccgg agccgccaga ccgtcgcgcc 60
cctgccccat cgtagtatat gagctcgctt acacaaggac ccccgctaaa agccagagct 120
cccagtcctc gaggcttgaa gacggggact cccttctcca ccaactctgt cctcgggggg 180
tgggggccca gccgagatca cagcgcgaca ggagtggggg tggccgctgg agacagggtga 240
agaaacaaga aaactaagaa atccgagcgg ttggaggggg agtctgtgtg gatgggatgg 300
ggacgccggg ggaggggctg ggccgctgct cccatgccct gatccgggga gtcccagaga 360
gcctggcgct gggggaaggt gcgggggctg gccttcccg cctggatctg gccaaagctc 420
aaagggagca cggggtgctg ggaggtaaac tgaggcaacg actggggcta cagctgctag 480
aactgccacc tgaggagtca ttgccgctgg gaccgctgct tggcgacacg gccgtgatcc 540
aaggggacac ggccctaata acgcggccct ggagccccgc tcgtaggcca gaggtcgatg 600
gagtccgcaa agccctgcaa gacctggggc tccgaattgt ggaaatagga gacgagaacg 660
cgacgctgga tggcactgac gttctcttca ccggccggga gtttttcgta ggccctctcca 720
aatggaccaa tcaccgagga gctgagatcg tggcggacac gttccgggac ttcgccgtct 780
ccactgtgcc agtctcgggt ccctcccacc tgccgggtct ctgcgccatg gggggacctc 840
gcactgttgt ggcaggcagc agcgacgctg cccaaaaggc tgtccgggca atggcagtgc 900
tgacagatca cccatagccc tccctgaccc tcccagatga cgcagctgct gactgtctct 960
ttcttcgtcc tgggttgccct ggtgtgcccc ctttccctct gcaccgtgga ggtggggatc1020
55 tgcccaacag ccaggaggca ctgcagaagc tctctgatgt caccctggta cctgtgtcct1080
gctcagaact ggagaaggct ggcgcggggc tcagctccct ctgcttggtg ctacgacac1140
gccccacag ctgagggcct ggccttgggg tactgtggtg caggggtagg atagtatagg1200
aagtagaagg ggaaggaggg ttagatagag aatgctgaat aggcagtagt tgggagagag1260
cctcaatatt gggggagggg agagtgtagg gaaaaggatc cactgggtga atcctccctc1320

```

tcagaaccaa taaaatt...a ttgacctttt aaaaaaaaaa aaaaa a agttct 1376

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 854 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- 25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

```

acgtatagtc gggtcggctg gtggagtagc tcagagtagg gggagcgccg taattgacac 60
atctcttatt tgagaagtgt ctgttgccct cattaggttt aattacaaaa tttgatcacg120
atcatattgt agtctctcaa agtgctctag aaattgtcag tggtttacat gaagtggcca180
30 tgggtgtctg gagcaccctg aaactgtatc aaagttgtac atatttccaa acatttttaa240
aatgaaaagg cactctcgtg ttctctcac tctgtgact ttgctgttg tgtgacaagg300
catttaaaga tgtttctggc attttctttt tatttgtaag gtggtggtaa ctatggttat360
tggctagaaa tcctgagttt tcaactgtat atatctatag tttgtaaaaa gaacaaaaca420
accgagacaa acccttgatg ctcttgctc ggcgttgagg ctgtggggaa gatgcctttt480
35 gggagaggct gtagctcagg gcgtgcactg tgaggctgga cctgttgact ctgcaggggg540
catccattta gcttcagggt gtcttgtttc tgtatatagt gacatagcat tctgctgcca600
tcttagctgt ggacaaaagg gggtcagctg gcatgagaat attttttttt ttaagtgcgg660
tagtttttaa actgtttgtt tttaaacaaa ctatagaact cttcattgtc agcaaagcaa720
agagtcactg catcaatgaa agttcaagaa cctcctgtac ttaaacacga ttcgcaacgt780
tctgttattt tttttgtatg tttagaatgc tgaaatgttt ttgaagttaa ataaacagta840
ttacattttt aaaa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1681 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

```

ttcagctttt gccgaaatgg gtagtgatca cacacagtca tctgcaagca aaatctcaca 60
agatgtggac aaagaggatg agtttggtta cagctggaaa aatatacagag agcgttatgg 120
aaccctaaca ggcgagctgc atatgattga actggagaaa ggcatagtg gtttgggcct 180
15 aagtcttgct ggggaacaaag accgatccag gatgagtgtc ttcatagtgg ggattgatcc 240
aaatggagct gcaggaaaag atggctcgatt gcaaattgca gatgagcttc tagagatcaa 300
tggtcagatt ttatatggaa gaagtcacaa gaatgcctca tcaatcatta aatgtgcccc 360
ttctaagtg aaaataatth ttatcagaaa taaagatgca gtgaatcaga tggccgtatg 420
tcctggaaat gcagtagaac ctttgccttc taactcagaa aatcttcaaa ataaggagac 480
20 agagccaact gttactactt ctgatgcagc tgtggacctc agttcattta aaaatgtgca 540
acattctgga gcttcccaag gaggcagggg gggttgggta ttgctatcag cgaagaagat 600
acactcagtg gagtcacatc aaagagctta acagagcatg gggtagcagc cacggatgga 660
cgactcaaag tcggagatca gatactggct gtagatgatg aaattgttgt tggttaccct 720
attgaaaagt ttattagcct tctgaagaca gcaaagatga cagtaaaact taccatccat 780
25 gctgagaatc cagattccca ggctgttctc tcagcagctg gtgcagccag tggagaaaaa 840
aagaacagct cccagtcctc gatggtccca cagctctggc ccccagaacc ggagtcctac 900
cgaaatacaa gcagatcatc aacaccagca atttttgctt ctgatcctgc aacctgcccc 960
attatccctg gctgcgaaac aaccatcgag atttccaaag ggcgaacagg gctgggcctg1020
agcatcggtg ggggttcaga cacgctgctg ggtgccatta ttatccatga agtttatgaa1080
30 gaaggagcag catgtaaaga tggaagactc tgggctggag atcagatctt agaggtgaat1140
ggaattgact tgagaaaggc cacacatgat gaagcaatca atgtcctgag acagacgcca1200
cagagagtgc gcctgacact ctacagagat gaggccccat acaaagagga ggaagtgtgt1260
gacaccctca ctattgagct gcagaagaag ccgggaaaag gcctaggatt aagtattgtt1320
ggtaaaagaa acgatactgg agtatttgtg tcagacattg tcaaaggagg aattgcagat1380
35 gccgatgga gactgatgca gggagaccag atattaatgg tgaatgggga agacgttcgt1440
aatgccacc aagaagcggg tgccgttttg ataaaagtgt ttccctaggg cacagttaac1500
cttgggaagt tgggaaggat tcaaagctgg gtcccgttcc gtttcaggag gagggagggc1560
cgtttttcaa aggcagccca gggttgagtt tgaaggggca gcctctttcg tcttttttca1620
cgtttttccc acttttttg ggatccccgt ttacattttg agttccactt ggggaagtta1680
40 g
1681

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 852 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

ggcaatttcc gttaggtgct gaaggctgtg ggcgcgcggct gtcccccattc ccacgtgaag 60
 cgctacgcta gcatcgctcg gctggcggct cccagctcgc gcgcggagcag tcccggcagc 120
 10 agcgggggac cggaagtggc tcgcggaggc tcagaagcta gtcccggagc ccggcgtgtg 180
 gcgcctcgga gcacgggtgac ggcccatgt ccctaactctg ctccatctct aacgaagtgc 240
 cggagcaccc atgtgtatcc cctgtctcta atcatgttta tgagcggcgg ctcatcgaga 300
 agtacattgc ggagaatggt accgacccca tcaacaacca gcctctctcc gaggagcagc 360
 tcacgcacat caaagttgct cacccaatcc ggcccaagcc tccctcagcc accagcatcc 420
 15 cggccattct gaaagctttg caggatgagt gggatgcagt catgctgcac agcttcactc 480
 tgcgccagag ctgcagacaa cccgccaaaga gctgtcacac gctctgtacc agcacgatgc 540
 cgcctgcggt gtcattgccc gtctcacaa ggaaactgtg aaggggatgg gcaggagggc 600
 ttgtgcaggg ttttgtaagc agtgatctag tttcattaaa aaaagaaaac aataaaaaag 660
 ccctgcacaa ggccacagc ccctctccct tcctgtcgtt caatggacgt ggtggtggct 720
 20 gttccacacc cattttgttg cagttcctgt gagacaggag aggttgagcc aagggaactg 780
 tgaaggggat gggcaggagg gcttgtgcag ggttttgtaa gcagtgatct agtttcatta 840
 aaaaaagaga ac 852

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1739 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

gaagcccgga gcctggcgac ggcacgcgg agcggagcgg cagcgcacgc gggcgatcgc - 60
 50 ttcaacggatg cggaacgagt agccatcctt acctacgtga aggaaaatgc ccgctcgccc 120
 agctccgtca ccggtaacgc cttgtggaaa gcgatggaga agagctcgct cacgcagcac 180
 tcgtggcagt ccctgaagga ccgctacctc aagcacctgc ggggccagga gcataagtac 240
 ctgctggggg acgcgcgggt gagccctcc tcccagaagc tcaagcggaa ggcggaggag 300
 gacccggagg ccgcggatag cggggaacca cagaataaga gaactccaga tttgcctgaa 360
 gaagagtatg tgaaggaaga aatccaggag aatgaagaag cagtcaaaaa gatgcttgtg 420
 55 gaagccaccc gggagtttga ggaggttgtg gtggatgaga gccctcctga ttttgaaata 480
 catataacta tgttgtgatga tgatccaccc acacctgagg aagactcaga aacacagcct 540
 gatgaggagg aagaagaaga agaagaaaaa gtttctcaac cagaggtggg agctgccatt 600

aagatcatttc ggcagttaat ggagaagttt aacttggatc tatcaacagt tacacaggcc 660
 ttcctaaaaa atagtgggtga gctggaggct acttccgctc tcttagcgctc tggtcagaga 720
 gctgatggat atcccatttg gtcccgacaa gatgacatag atttgcaaaa agatgatgag 780
 gataccagag aggcatttgg caaaaaattt ggtgctcaga atgtagctcg gaggattgaa 840
 5 tttcgaaaga aataattggc aagataatga gaaaagaaaa aagtcattgg aggtgaggtg 900
 gttaaaaaaa attgtgacca atgaacttta gagagttctt gcattggaac tggcacttat 960
 tttctgacca tcgctgctgt tgctctgtga gtcctagatt tttgtagcca agcagagttg1020
 tagaggggga taaaaagaaa agaaattgga tgtatttaca gctgtccttg aacaagtatc1080
 aatgtgttta tgaaagggaag atctaaatca gacaggagtt ggtctacata gtagtaatcc1140
 10 attgttggaa tggaaaccctt gctatagtag tgacaaagtg aaaggaaaatt taggaggcat1200
 aggccatttc aggcagcata agtaatctcc tgtccttttg cagaagctcc tttagattgg1260
 gatagattcc aaataaagaa tctagaaata ggagaagatt taattatgag gccttgaaca1320
 cggattatcc ccaaaccctt gtcatttccc ccagtgaagct ctgatttcta gactgctttg1380
 aaaatgctgt attcattttg ctaacttagt atttgggtac cctgctcttt ggctgttctt1440
 15 tttttggagc ccttctcagt caagtctgcc ggatgtcttt ctttacctac ccctcagttt1500
 tccttaaaac gcgcacacaa ctctagagag tgtaagaat aatgttactt ggtaaatgtg1560
 ttattttattg agtattgttt gtgctaagca ttgtgttaga tttaaaaaat tagtggattg1620
 actccacttt gttgtgttgt tttcattgtt gaaaataaat ataactttgt attcgaaaaa1680
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa gaggagaaaa agaggggaaa gggggaagag gagcaaga 1739
 20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 805 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

45 ataggcgcac cccaagggtca gggtcacctc gagcctccag acaactgcgt caccttgacg 60
 accaactgaa aaaaccggaa gggatggaag cagcggatca tctcgcgata tctggagcgt120
 ctgcgcctgc cttcctgacc tgggacttgt ttccagctct cgcgagactt tcaggggtcg180
 gagcgcgggg gccggccgag aggaaagctg gaggcgcggg tggggaacat gtctgagtcg240
 gagctcggca ggaagtggga ccggtgtctg gcggatgcgg tcgtgaagat agaatcctgg300
 50 taattgatgt ccacccgaga aatccctgca gatgttccag cctctgtcta gtccagatag360
 ccacaggaag ggtactggtt ttggatttag aattgttttc tgcacttacct tctttaaaag420
 aagaatgtgg ccattagcct tcggttctgg catgggatta ggaatggctt attccaactg480
 tcagcatgat ttccaggctc catatcttct acatggaaaa tatgtcaaag agcaggagca540
 gtgacttcac ctgagaacat cccagcggga ggacaagaga aatcatgttt attcctcagg600
 55 aatactgaag tgccctggag taagctgcca ttcttctgta acaatgttat cagtaatgct660
 ttaaaactcca gcacctggtt atgcatttga aaccaagtct gtttcttggt ttgtattttc720
 tctctggaag ttgtaaggag gtggtcttaa ataaattaaa caaaaatagg aagtccaaaa780
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 805

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1483 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

```

25  tgaaaaagac ccaacgcca cacttggtgc cttttgcagc cagcgccac ccattccgtgc 60
    ccggaccctt gggaatgcc gcggtccagc aggaaaaagc ccaggacgg ggcctccgtt 120
    gcgggggggc ggctgcttct tgggaacttt gtcgtttccg gcgctggctg gctggctggc 180
    tgtaaagcac tgaagcccc cgcccgccaa cccctgaaa cagaacctg cctccctggc 240
30  cacagcagcc ttaccacacg ctctacgtgt cccgggcact tcccgcagcc ttcccgtccc 300
    tttctcatcg gccttgtagt tgtacagtgc tgttggtttg aaaaggtgat gtgtggggag 360
    tgcggctcat cactgagtag agaggtagaa tttctattta accagacctg tagtagtatt 420
    accaatccag ttcaattaa gtgatttttt gtaattatta ttattttggt gggacaatct 480
    ttaattttct aaagatagca ctaacatcag ctcatagcc acctgtgcct gtccccgcct 540
35  tggcccggtt ggatgaagcg gcttccccgc agggcccca cttcccagtg gctgcttcct 600
    ggggacccag ggcaccccg cacttcagg cagctcctc agctggcac ctcccggctt 660
    tgccgttcag atggggctcc tgaggctcag gagtgaagat gccacagagc cgggctcccc 720
    taggtgcgt cgggcatgct tggaaagctg cctgccagga cttccaccc tggggcctgt 780
    gtcagccgcc ggccctccgc accctggaag cacacggcct ctgggaagga cagccctgac 840
    cttcggtttt ccgagcacgg tgtttcccaa gaattctggg ctggcggcct ggtggcagtg 900
    ctggagatga ccccgagccc ctcccgttg ggcacccagg agggccctgc cggaatgtgc 960
    agcctgtggg tagtcggctg gtgtccctgt cgtggagctg ggtgctga tctggtgctc1020
    gtccacgcag gtgtgtggtg taaacatgta tgtgctgtac agagagacgc gtgtggagag1080
    agccgcacac cagcgccacc caggaaaggc ggagcggtta ccagtgtttt gtgtttattt1140
45  ttaatcaaga cgtttccctt gttttcctat aaatttgctt cgtgtaagca agtacataag1200
    gaccctcctt tgggtgaaatc cgggttcgaa tgaatatctc aaggcaggag atgcatctat1260
    ttaagatgc tttggagcag acagcttttag ccgttcccaa tccttagcaa tgccttagct1320
    gggacgcata gctaatactt tagagaggat gacagatcca taaagagagt aaagataagal380
    gaaaatgtct aaagcatctg gaaaggtaaa aaaaaaaaaa tctatttttg_gacaaatgtal440
50  attttatccc ccattgggatg cttgggtatg gcggggggga ggc
    1483

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1347 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

```

tgagggtcttc catgactgca agtggttatat tggactggat ggcatgaag tccctttcat 60
agccagagat tttgtgtggc tgctaaaatg cttacatctc tggctatgaa agggacttca 120
tgaccatcca gtccaatata acacttgacg acagagaaac tgagggtcttc catgacttgc 180
ctagtctccc agctagtgtg aggcaaaact ggattccac tctgggtattc tttcttccct 240
ttacatcatt ttccctcctt tataatgtcc tgagagacca gaactcacac cagaatcgat 300
tattcctcag gtgaagcata gactctttca tggtagacag atttcacgac tcagagatag 360
aaatctcttg ctatcatcag gtcacgggca gctcctgtgg agtcctgccc aacttatgtg 420
gcttcataaa aatggcaaca gtccaggctc cttgcctaata tttagagcat taactcccta 480
attgccagta agcaaggagg tggatctctg caaacctaca ctgtctatga cagctctagt 540
tgtacttggg gtgactaaat acctcaaagg caacctgctt ctgcagggtt tgaagtgtca 600
gcttcataag acactgaggg ttagaattgt ttgattctag accataactg aagggcataa 660
atggaaacag gatatgaagg gaaacaagta gcatcatgga gctgaaaagt ggtgcatcac 720
ccaatggcta gcacaaacaa ggatcacact gtccattctc ttgtctgcta aattaagcat 780
tttcttgctt cctttgcttc atcttttcac aacagctgga tagagggatc agaaatgact 840
gtgtcatggg gctcattcac tgcaaaactc cagttgcaag ctcttgggt ccccgagg 900
gagcaagaat ctcatagtgc agagacacag agggcctttt agccctaata accttttgga 960
tgaggactgca actcatgact atcctgatat tggagaagaa gactttgtta atcttctccc1020
ccatagctct gctgcgtagg tctacatctt actcagaatc actacacatt cctttagtct1080
tcttccaagc tccagagcca ttggtacaaa tgctttattg aaactaaata cataatacac1140
acaatgagat gaagacaata tagaagtcgg catagtcac ataatcccg tcttggccg1200
gttgaggcag ctcaagtggc gagcccagtc aagccaaccc gcagcttcac tcacgacttc1260
aagatttgat gctaattctt ttggatttct acagttatta aataagtgtc tgagtggaaa1320
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaat                                     1347

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1683 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:118

```

10 aattcggcac gatgggggga atctccgacc ccgacaccct acacatctgg aagaccaaca 60
   gccttcctct ccggttctgg gtgaacatcc tgaagaaccc ccagtttgtc tttgacatcg 120
   acaagacaga ccacatcgac gcctgccttt cagtcacgcg gcaggccttc atcgacgcct 180
   gctccatctc tgacctgcag ctgggcaagg attcgccaac caacaagctc ctctacgcca 240
   aggagattcc tgagtaccgg aagatcgctg agcgctacta caagcagatc caggacatga 300
15 cgccgctcag cgagcaagag atgaatgcc atctggccga ggagtcgagg aaataccaga 360
   atgagttcaa caccaatgtg gccatggcag agatttataa gtacgccaag aggtatcggc 420
   cgcagatcat ggccgcgctg gaggccaacc ccacggcccg gaggacacaa ctgcagcaca 480
   agtttgagca ggtggtggct ttgatggagg acaacatcta cgagtgtac agtgaggcct 540
   gagacacatg gagagttggt caggctgctg ctgggagaaa tggacgcccc ctgggcctca 600
20 acttgatctt ctaccccggt cctgtgactc agactgggaa atactgagca gagacggctg 660
   gggcgggggc aggaggagg gctgctctct gagacagggg cgcccccgcc ttgaccctg 720
   ggcacctcca tccccctcca cctgtcccca gatcagttct tgggatggag gccagagagc 780
   tggtcaggct cccccatctg ccagcacggt cctgcactgt gcccacccac ttgctccaca 840
   acgtccagtt ggtcctgctg ccaagagccc cgtgcatcca ggcgggccaag cacaaactgg 900
25 gggagaggag gccgccagcc cggaggctgc agcccagaaa ctctacctca tccacactgg 960
   tgcagggagc cctccttgaa ctgacctttg attggtttct gcttcaacta ccaaaatgtt1020
   atctccactt cccccctacc cgtagaggat cctggccaca gacagtttca agtagtgtca1080
   gatttttggt gcttgggcgg ctggtggtag agtgggcagt gcccgcgcca tggggtgctc1140
   tgtgggcttc tccaggagca gggaggggtg aggggagggg tggggggcac aggagctggg1200
30 agccccgtct ccaggaaaag gagaggggtt aagatgcacc gaggtgtag ctgggctact1260
   tgatcttgct gaaagtgttt ctaaagatag caccactttt ttttttaaag cttttatata1320
   ttaaaaaacg tatcatgcac caactgtgaa tagctgccgc ttgcgagag gaccggggga1380
   ggggtcccga gaggtcccc atgcaacact ggaaatgact gttccagaga gcgggcagac1440
   ctggcagagc gccctggcg cctgagacta ccaccactc cgttcctgcc agaaacgacc1500
35 ctctgtggcc gatgggcat gcgggccct cgcagccaac tcagccagt ttgggactgg1560
   ctgagagccc atgggggctg gaggggggca gctgggactc tggaatcttc ttataataa1620
   aagccttacg gacaaaccta aaaaaaaaaa aacaagacaa gagagggaaa gggaaagaag1680
   ggg
  
```

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1355 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

```

5  acaagcatgg aagctttact gtttcggctc ttcaaacttc cagcaactac actgcggtgc 60
   atcggacttc gacgcccgtc ggtgacgcac acgctgcgcc ggaagtgtga acacaaagcc 120
   tccaggcttt gtcattggcg ctgctgctgc acgctggaac catgtgtggg tcggcaccga 180
   gactgggata ttgaaagggg taaatcttca gcgaaaacag gcggcgaaact tcacggcccg 240
10 aggacagccg cggcgcgagg aggcagtga cgcctgtgt tggggcaccg gcggcgagac 300
   ccagatgctg gtgggctgcg cggacaggac ggtgaagcac ttcagcaccg aggatggcat 360
   attccagggt cagagacact gcccgggcgg ggaggcatg ttccgtggcc tcgcccaggc 420
   cgacggcacc ctcatcacat gtgtggattc tgggattctc agagtctggc atgacaagga 480
   caaggacaca tcctctgacc cactcctgga actgagagtg ggccctgggg tgtgtaggat 540
15 gcgccaagac ccagcacacc cccatgtggg tgccacaggt gggaaagaga atgctttgaa 600
   gatattggag ctgcagggtc ctgaggaacc tgtgttcagg gccaaagaacg tgcggaatga 660
   ctggctggac ttgcgggttc ccattctgga ccaggacata cagtttctcc caggatcaca 720
   gaagcttgtc acctgcacag ggtaccacca ggtccgtgtt tatgatccag catcccccca 780
   gcgcccggca gtcctagaga ccacctatgg agagtacca ctaacagcca tgaccctcac 840
20 tccgggaggc aactcagtga ttgtgggaaa cactcatggg cagctggcag aaattgacct 900
   tcggcaaggc cgtctactgg gctgtctgaa ggggctggca ggcagtgtgc gtgggttgca 960
   gtgccaccct tcaaagcctc tactagcctc ctgtggcttg gacagagtct tgaggataca1020
   caggatccag aatccacggg gtctggagca taaggtttat ctcaagtctc aattgaactg1080
   cctcctcttg tcaggcaggg acaactggga ggatgagccc caagagcctc aagaacccaal140
   caaggtgccc ctagaagaca cagagacaga tgaacttttg gcataccttg aggcagctgc1200
   caagcggaag ctctcgggtt tggagcagcc ccaaggagct ctccaaacga gacggagaaa1260
   gaagaagcgg cctgggtcca ccagcccctg acgcccctgt gcccaacttg taaataaaact1320
   gctgaacacc caaaaaaaaa gaaaaaaaaa agggg 1355

```

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1816 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

```

55 ggtcagagag attctgaaaa gtaatccaaa gtgttccgta gctaaacatg gtgcaggctc 60
   gttgtaccac tgcaaccgac tgacgttact gtagttccta gaatgctgtg agggcggggg 120
   gttcagatca acataaagcc taacttgctg gagttgtagt ctcaaggctt tctctcttgc 180
   ttaactaaaa cctaaggacc actgtttttg gtagcaatta tatggttact atccactgca 240
   gtcctcagtt gttggggtaa atcccacatg gcagagtaag gcacccca gaaattaact 300

```

```

tggagagcct gagaa      c cagtggcctt ggcatagctg tctag      ac catctctagg 360
aaaatttaat tctgtccctg gccagctatt gttcttccac ttcgttttct gctgtcccaa 420
ggccagatga gtggaatcac catctgactg ttgtcaataa aatgtatctg gcgtgaacag 480
caggataacc catgttctcc acataaggat aaccttacgt gaaaccttcc tgctgacaac 540
5 catgcagagg aatttttcca cttaagtcag agccttcctc cccatctgga attcacagct 600
gttccttggc agcacacagg aggggtattaa ggacctttgt gaggctaggt acactgtcca 660
cacctctttg gggaagttac gatttttttt ttccatcata attcagtctc ttcttattct 720
acagtgtgca ctttatgcct ctgcgctttt gataatagtt gttcagttaa ggaagtcagc 780
10 tgccagaata ttaagaaggg tctcccttta tgtcagtaca actgttaggg cggccttccc 840
atttacttta ggtttcaaga ggattcaccg gaagcacatg ccccggtcta gtcccatttg 900
aaacagttct gctttactga gaccttaggc cggctctcct gctgacccta gcgctgctgc 960
ctaggtgcca tttcctttcc tctcagtc aatacaggct gcacattttg tcacttaatg 1020
ccagtacaat ctgtgttact cctaaggact tttgggattt tgatgagacc tgcgaggagg 1080
aagacactga gaagccagtg atctgcaagc atttgctctt gtttccacat cacctctggg 1140
15 atatttccagc tgttgtttcc aaatggcaaa tcatcaacta aaagcacttg tttcaagttt 1200
tgttctgcac tcccacgact gaagtgttag attgagctga ataaccatgg gaagtgacca 1260
agcaaagaca ctcgattgga gtcagttgaa tatttgtacc ctcagtgagg cccttctggg 1320
cttttcttcc acttctgcag aatttctctt agcaaatact tctttctcct tgcttgccct 1380
caccatgata tttgaataag agatggccag aggataacac ttgtctctta aaaactaagc 1440
20 taaaaagaac ctagaacctt caattgagca gttgtgaaaa ttgctaattg tgccaaggcc 1500
aagcaaagag tttcagaaaa tgactgagaa ggagcgataa cccccagaat gcaaaatcag 1560
gggcatcatt atccggtgct tgaacaagga gctccgctct acaactgggt tttttaggac 1620
ttgtgaggaa cacagcaacg gaaatccatc caciaaggat gcagtgcacc aacttgta 1680
gcgcctgaat agtcattgta taatttactg aagaaatcta gtgtacttta aatttttttc 1740
ataaaagttt acattgtatt gtaggttaac attaaatgtt ttatagcaaa aacttcaaaa 1800
aaaaaaaaaa aaaaaa
1816

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 184 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

55

```

aacggaggat gcctaggctt ctggaggcga agaaggacgc ggcaagctgc gaaaagtcac 60
gggtatctgc aagcatgaaa tgatccgtga atatccgaat ggggcaacc gtgcagggtga 120
agcctgcaca cctgaataaa tcaggggcag acgcagggaa ctgaaacatc ttagtacctg 180
cagg
184

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 251 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```
gtgacttgct caaagtaaca cagctaaaaa gtagacagcag ggggttcaaac ccattctctt 60
taactccaca aatgagtatg gttctccaat tcatgcttcc ttcagctaac agagtgttca120
aaaatgcaga ttgtaaaggc caagtggggg ggggttatgcc tgtagtttcg gcagtttgcg180
gagccagggt gtgagggtgg ctggcctggg gcggggggat tcgagagcag gggggggcga240
tatggttagg c                                     251
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 740 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:123

```
tttagaattc agcataggtt gaggtcagaa agcaattcag gcatgagcca ccgtgcccgg 60
cttcacaccc atttctttaa aaaggatccc gtagcaggca gaaaagcccc ttccatcctg120
```

```

ctcctctgat actgtgctc cttggagata tttccgtcct ccaccgtgt gtctgtggct180
ggaactgccc agcctgctcc tggcccccctg gaagcctccc cacagctggg aatctggact240
taaggattgc tgggccaccg cctctctgcc taccaccatt ccataatttaa gtggagcccc300
tacgtagaaa ggccccgggg ctttatttta gtctcctttt cagggatgtc gtgggcgggg360
5 gaggggggtc ttgggtgtac agccctctcc ccacccttaa agggacgccg acgctgtttg420
ctgccttcac cacatattag tgcttgaccc tggcagggga ccccatggaa aagatgggga480
agagcaaaat acatggagac gacgcaccct ccaggatgct cgctgggatt cccacgcca540
ccactgtccc ccaccccatg gctgggaggg gcctctgaac ggaacagtgt cccacagag600
cgaataaagc caaggcttct tcccaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aagataggtt660
10 agttaaggcg gccgaaagtt tttttccctt tagtaagggt tagtttttag tttggggttg720
gccttcgttt ttaagaacgt
740

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1493 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

```

aacacctgcc ctggttcagc gctttaggga gggcggetca ggcgccccgg agcaggcaga 60
gtgcgtggag ctgctgctgg ccctggggcg gcctgcggag gagctgtgcg aggagttcct 120
ggcgccacgc cgcggccggc tggagaagga gctgagaaac ctggaggccg agctggggcc 180
ctcacctccg gctcccagc tgtagagtt caccgacct ggaggcagt gcttcgtggg 240
cggcctctgc caggtggcgg cggcctacca ggagctgttt gcggcccagg gccagcagg 300
tgccgagaag ctggcggcct tcgcccggca gctgggcagc cgctattttg cgctggtgga 360
gcggcgggctg gcgcaggagc aggggtgggtg tgacaactca ctgctggtgc gggcgctgga 420
ccgcttccac cggcgcttgc gggctcccgg ggccctgctg gccgctgccg ggctgcgaga 480
45 cgctgccacg gagatcgtgg aacgagtggc ccgcgagcgc ctggggccacc acctgcaggg 540
tctccggggc gccttccttg gctgcctgac agacgtccgc caggcgctgg cagcacctcg 600
cgtggctggg aaggagggcc ctggcctggc cgagttgctg gccaatgtgg ccagctccat 660
cctgagccac attaaaggcc ctctggcagc agtgcacctt ttcaccgcca aagaggtgtc 720
50 cttctccaac aagccctact tcgggggtga gttctgcagt cagggtgtcc gtgagggcct 780
catcgtgggc ttctgctcact ctatgtgcca gacggctcag agcttctgcg gtgagggcct 840
ggagaagggg ggtgccacac cacctgcctt gctcctgctg ctctcccgcc tctgcctgga 900
ctacgagacg gccaccatct cctacatcct cactctcact gatgaacagt ttctggtgca 960
ggatcagttc ccagtgcgc ccgtgagcac gctgtgtgca gaggccaggg aaacggcgcg1020
gcggctgctg acccactacg tgaaggtgca gggcctggtc atatcacaga tgctgcgcaa1080
55 gagcgtggag actcgcgact ggctcagcac tctggagccc cggaatgtgc gggccgtcat1140
gaagcgggtg gtggaggata ccaccgccat cgacgtgcag gtggggctcc tgtacgaagal1200
gggtgttcgc aaggcccaga gcagcgactc cagcaagagg actttctccg tgtacagcag1260
ctctcggcag cagggccgct acgccccag ctataccccc agtgccccga tggacaccaal1320
cctcttgagc aatatccaga agctattctc tgaacgtatt gatgtgttca gccctgtggal1380

```

gttcaacaag gtgtcgggtgc tgaccggcat catcaagatc agcctgaaga cgcttgctgg1440
 gagtgtgtgc gggctgcgaa cctttttggc cctttgcggg cttcaacaag ggg 1493

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 250 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

ccagactgaa ttgtcagtga gcggatctga gggcgggtgtg gagtggccag tggggccttgg 60
 ccgagatgga caaccggatt ccttatgatg actagccggg ggtttcttgc ctgcctatga120
 gaatcctcca gcatggaatc ctcctcatga gagggtagac agccggacta caacgatgag180
 ttgacccagt tttggcccga accatcacac tgaagaagcc tcctggagtc attgggatta240
 agatcgaggg 250

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1202 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

```

5   tcgggggggag cggcgcgggcg ggcgcgggagt tggttctaaa gagtgggtgag tcagaagaga 60
   cgtcaggcag caagcgactt gggccatggc ctctgacctt gacttctcac ctccggaggt 120
   gcccgagccc actttctctg agaacctgct acggtacgga ctcttcctgg gagccatctt 180
   ccagctcatc tgtgtgctgg ccatcatcgt acccattccc aagtcccacg aggcggagggc 240
   tgaaccgtct gagcccagaa gtgctgaggt gacgaggaag cccaaggctg ctgttccttc 300
   tgtgaacaag agggccaaga aagagactaa gaagaagcgg tagaagagga ggctgagga 360
10  gctgggcggg caggagaggg gtcttgggga cagccctcct gggaatctac attgtgttcc 420
   cccgcattcc aggtcagggg tctgaggagg ctgtgacgcc ctatgaccgc agagatctag 480
   acagtcgtaa cagtccccag gctccagctg ggcaatccac cacttcctct tccttctgct 540
   tctgtgacgg tttagagtca agggggctga aacacactgt gagcatagac tgtattaggt 600
   ttgttcagaa gccgggtcag ctacacagag cacttttctt tgcttagtca tgtgtccctc 660
15  cttgagttgc cccctccttg tgggtttaca ctacattttg gagtattgtg ctaatgctga 720
   caagcacacc ctctcccat atttgtgcac tacagatctc ctgctgatca gtcacctttg 780
   ttgctgctgt gtagacagag ccaggcctca cctgtttgtt taggccaaga tgccatggag 840
   atgcagcgtt agtgatccca ctagctgtga cagccaggcc cagaaaatgc ctggcgtgag 900
   agccagcaga cagccaggcc aggggtaggc agtgctgct tctgctccat cagggtgcagg 960
20  ggatttggct gaaggcgtgc atatttctct ggcacaaact tcctgagcct ctgaaatggg 1020
   aggtcgtca atttcagacc aacctctttt caacccatca tagcacgttc aagggtgtgc 1080
   ttttacttct acctgtacat cccccatccc ttcaattctt tcattccctg accagtgagag 1140
   gggttcctgg gggaagtatg gtgaataaac tgacatgcat gcttcagaaa aaaaaaaaaa 1200
   aa

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 1014 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

```

50  cccttttttt ttctttttga gatgggggga aagtcctagc aaaaggcagg agtttagcatt 60
   ttcttttaac aagactttct aatgctaaac aaagaccaac ttcttttaaa aggggttgtt 120
   ttggttgtgg gtgaaaaata ctgtactgta atgatctgct tggtttttaa gcaaaagaga 180
   tcctgacatg tgaaaccaat acaccaaaat gccaaagtcca caaatgaaca aaacaagtgc 240
   ttaaaaaaaaa aattcttctg ctcttatatt tttggaggaa gctgctgatt ttggctgtca 300
55  gatttcactt agaaatggtc actttctgag atgctttttc ctacagaat ctgtagataa 360
   actcattaaa agattgtccc atttcaaaaat ccccccaag tctagcagca ctgttttttt 420
   tttttttagt ttttgtttta aaattacaaa ccaagtaaga agtccaacat cctcttccat 480
   gaacagcttt gtgacagagc tctgagtggt gtgcagcccc cactgtgctc tgaatacagt 540

```

```

ctctgcagct ccagtgtgtc ctcttttcag gaaggaaagc atattcaata cattcactat 600
ctgtaccccc tggaaacttg acatgctgac gagctattat aagccaactc atccccagct 660
ctcttccggg actgggtcacc ccttgtaaaa ccattctgta taagttctct ttgaaatttc 720
tgatcttgag cagcatattc agaaagttca gattccaccg ccggagggag aatgtttgga 780
5 ataaatttag aaaatagagt tggagccatc tgaacccact ctgggtctgag ggtatacagg 840
cctttcaciaa tatttgccat agttgaaggt gtgacctgaa atgggtgttg ctgggcttct 900
aaaagtaaag gcattaggcc gtaaattgtc ttttctgcaa catgttccgt aaacagcttt 960
ataagggcac ctttaagccc gggtaagctg gtccatggga acctatcgtt tttg 1014

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1171 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 128

```

caccaaatta atcaggttta cagacagggt cccaccggta ttcacattct tgtagtgat 60
35 cagatgggtc agaattttca agatgagagt tggtttttat tctccacagt aaaagctgaa 120
agtagtgatg gcatccacat aattttgaaa tgatgtctta tatagactga actgtattca 180
gtaccaataa gtcacgctta aaagtgtgtg aagactgaat ccaagaagtc ttgggattgg 240
attttaccat atgaaatgtt tcatattgaa aacacaagat gacctttcta atgagctgta 300
tgagagggtg atctcctcac tgctactgcc atagccaagc atcctcatga gagtgagcac 360
atcggcacag catgcatcca gctctggagg ccacggtgca ggcatactg cctgctgctc 420
tggcagaggc cagtaaatac agttcctaga agcagccttt gctgtctttt tacactgtat 480
gcggtttgga aatgaatgta gaaacttact gtgggcattt acctttctgt gccagtttgg 540
cttttattgc ctgaacctta tgctgacctg gagaggagat gggggacagt gctgttgtgg 600
ggccagcagt gaatctgtat gcggagagtt gtgttgtgct gatgtggccg ttggtggtca 660
45 ggtaagaggc tcggcacctt cttggaagaa atcatgtctg aggggtgtacg tttgatatga 720
tcatgccaga ttggagaaga tccaagccag gaagatgggc ttgaagcaaa ctgcattatc 780
aggagtacct tgggtgagagg atcagtgtaa atcctaatag gtacaaagac ttttgtgttt 840
tggtttgtc acagatttat tgaaaaactt ttttgcttct gcttccattt ttagcatttt 900
agtttctggg tttcattttt ggagattcct tgccttttaa actcgtgggt tttctctcat 960
50 tttcttcctt ctctccctcc atctctgacc acccccacc taacccccca cccccaccat1020
cctattaaac attttttaaag ccctacccca gacattggga aataggtgga ccaagtagg1080
gggggaggaa agtattgatt tgtttgata ggcttggga ttagggtgtt aaggggttct1140
tggtattatg aacaagggtg aatttttttt g 1171

```

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 35 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 129

```

ggccgggacg cagggcaaag cgagccatgg ctgtctacgt cgggatgctg cgcctgggga 60
ggctgtgctg cgggagctcg ggggtgctgg gggcccgggc cgccctctct cggagttggc120
aggaagccag gttgcagggt gtccgcttcc tcagttccag agaggtggat cgcattggtct180
ccacgccccat cggaggcctc agctacgttc aggggtgcac caaaaagcat cttaacagca240
agactgtggg ccagtgcctg gagaccacag cacagagggt ccagaacga gaggccttgg300
tcgtcctcca tgaagacgtc aggttgacct ttgcccaact caaggaggag tgg 353

```

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 205 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

35

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 130

```

cggctgagcg gccccgcagc caacccccga ggagcggccg gctggcgtgc cgctggcgcc 60
caggagttgg ggatgtccta caaacccatg cgccctggc tgccagcag cacccttg120

```


tctgccaggc accccctggg gcccggggca ccccggttcc ctgacaggga ggcgtgcgcg180
 tgcgccgtgc ggggctgcag tgtcc 205

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 211 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 131

aaatcacctt acaaccatt tctcagaaca tgtttctatt gttaaacaac acacaactat 60
 tttatttatg tgttttatgt atgcctgatc accaatatca ataactgaaa cacagcagtt120
 tagtaataat ttaatacaca ccataacctg cctattgaga atggcattat atttgttttc180
 attgtagtgg ctccatccaa aataaaatga t 211

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 867 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 132

5 gtcttcccaa gatggagatg ctaacgaaac tgagaagggg gcgtatgttt gacgaagggtt 60
 tgtgcaagtc aggcccttct ggaacacagc agggcctaca acgaggggccc tttgcgatgg120
 gctgtgagga tgggggtggt gggaagaatt ggccacgtta gagaccccat gccaccccac180
 catggtgagt gctctgtgcc tctgtgtcac ctgtggtgag tgggcgagct gggcgagctg240
 ggcgagctgg gctggggaga gcctgtgagg accgagagga gaaatgagaa gaaggaacaa300
 aaatattatt tctatgtaat ttatatTTTA cttatgccaa attatttatg ataatttgcc360
 attgctatac tgtaccagtg tcaaatgctg cagcctgcca agctgtgatt ttgtgaggct420
 10 tgtccctatg taggatgcac cgcaggcccc tggccactga aagagtgtgc agtggactgt480
 ggggtctcca tatgcggtgc cgcacaaagg tggctttgcc tcaagcaacc taccctgatg540
 ttttactcat tggaaatgttt ttccccgatt gtggatgact tcttttctga tggagagagt600
 ccaggaggga tggaaaacgc ctggatttaa gctcagcatc ccccatatgg gcttttcatg660
 catcttcagg cctgaagctg cagcagctga agttcgcttg catttatcag ccctctttgt720
 15 gctgctcctt gccaccttgg gggtcctgct ggggaccatg tgtggttgtg gcatgtgtga780
 gcagaaggga ggatgaggaa aaaagagaag gaaacccccg ttagtgacaa gtgttttttt840
 gaggttgccag gttttgccat cattaata 867

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 257 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 133

45 aattcagact cccattctta acttggcatt tttgtagctt acaggaacca gcttgggtgta 60
 ccttctctta tgagatgcag ctggaaagcc atttatgcaa gaggtgggtt cacttttgtc120
 gctcctccat tcattgaccc ttcagccttt aaaaaattag aatgtgaaaa ttagtagcaa180
 agagtgcaga gatattagct taagggataa ataaatgaaa gtagcaagta gctcattatt240
 tatgaagagt aataatt 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 204 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 134

```
gactggctca tggcctctgt aaatggctgc tggcgggact gtctgcctag cgggtgccct 60
tggaacctag cccttggtgg gttttgagga aatgattcct gaatgaggag tcgattgccg120
tgtgaagggc tggtagcacg gcacccgcgt gagctacgcg tgccctcagt gcgcttctgg180
attgactggc catgggtgct caca                                     204
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 245 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 135

```
ttgcaccatg gtaaactgtg ataatacagt atcatttttg agcagttttt taaatgtaaa 60
tctgtatctt actcagagtg tgtgtctgaa gttattaagg acatttccca acgttactgg120
ccattttccc tttgtaatca gaggaattct gtttcaagat tattgttgtg tgtgatctgt180
ggctcttgat cagaatgaag ttaaatggcc acaggaggat taagctatga ggttggcatt240
tttca                                     245
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 136

```

ggggaggggac gagtatggaa ccctgaaggt agcaagtcca ggcactggcc tgaccatccg 60
gctccctggg caccaagtcc caggcaggag cagctgtttt ccatcccttc ccagacaagc 120
tctattttta tcacaatgac ctttagagag gtctcccagg ccagctcaag gtgtcccact 180
25 atccctctg gaggaagag gcaggaaaat tctccccggg tcctgtcat gctactttct 240
ccatcccagt tcagactgtc caggacatct tatctgcagc cataagagaa ttataaggca 300
gtgatttccc ttaggccag gacttgggcc tccagctcat ctgttccttc tgggccatt 360
catggcagggt tctgggctca aagctgaact ggggagagaa gagatacaga gctaccatgt 420
gactttacct gattgccctc agtttggggt tgcttatttg gaaagagaga gacaaagagt 480
30 tacttgttac gggaaatatg aaaagcatgg ccaggatgca tagaggagat tctagcaggg 540
gacaggattg gctcagatga cccctgaggg ctcttcaggt cttgaaatgc attccatgat 600
attagggaagt cgggggtggg tgggtgggtg gggctagtgt ggtttgaatt taggggccga 660
tgagcttggg tacgtgagca ggggtgtaag ttaggggtctg cctgtatttc tgggtcccct 720
ggaaatgtcc ccttcttcag tgtcagacct cagtcccagt gtccatatcg tgcccagaaa 780
35 agtagacatt atcctgcccc atcccttccc cagtgcactc tgacctagct agtgccctgg 840
gcccagtgac ctgggggagc ctggctgcag gccctcactg gttccctaaa ccttgggtggc 900
tgtgattcag gtccccaggg gggactcagg gaggaatatg gctgagttct gtagtttcca 960
gagttggctg gtagagcctt ctagagggtt agaataattag cttcaggatc agctgggggt 1020
atggaatttg ctgaggatca aacgtatgta ggtgaaagga taccaggatg ttgctaaagg 1080
tgagggacag tttgggtttg ggacttacca ggtgatgtt agatctgaa cccccaagt 1140
aggctggagg gagttaaggt cagtatggaa gtaggggtg ggacagggtg ctttggaatg 1200
aaagagtgac cttagagggc tccttgggcc tcaggaatgc tcctgctgct gtgaagatga 1260
gaagggtgctc ttactcagtt aatgatgagt gactatatatt accaaagccc ctacctgctg 1320
45 ctgggtccct ttagcacag gagactgggg ctaaggggccc ctcccaggga agggacacca 1380
tcaggcctct ggctgaggca gtagcataga ggatccattt ctacctgcat ttcccagagg 1440
actagcagga ggcagccttg agaaaccggc agttcccagg ccagcgctg gctgttctct 1500
cattgtcact gccctctccc caacctctcc tctaaccacac tagagattgc ctgtgtcctg 1560
cctcttgccct cttgtagaat gcagctctgg ccctcaataa atgcttctct cattcatctg 1620
caaaaaaaaa aattttc 1637

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 260 Basenpaare

55

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 137

aaaagcatag ctcactctgt aataggctat tttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc120
tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180
ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt ttatgaagat240
gagtttaatc ttttgtgatg 260

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 957 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 138

ggggaatttg tctttggaaa gcttggtgcaa cctctacaac tggcgataca agaattctagg 60
aaacttaccc catgtgcagc tcttgccaga gttagtagta gcaaagtctg gcttactgtal20
50 tgacttccag ctcattaatg ttgaagattt tcaaggagtg ggagaatctg aacctaatcc180
ttacttctat cagaatcttg gagaggcaga atatgtagta gcacttttta tgtacatgtg240
tttactttggt taccctgctg acaaaatcag tattctaaca acatataatg gccaaaagca300
tcttattcgc gacatcatca atagacgatg tggaaacaat ccattgattg gaagacccaaa360
caaggtgaca actgttgata gatttcaagg tcaacagaat gactatattc ttctttctct420
55 ggtacgaacc agggcagtggt gccatctgag ggatgtccgt cgcttggtag tggccatgtc480

```

tagagccaga cttggatct atattcttcgc cagagtatcc ctctt a actgttttga540
actgactcca gcttttcagtc agctcacagc tcgccccctt catttgcata taattccaac600
agaacctttc ccaactacta gaaagaatgg agagagacca tctcatgaag tacaaataat660
5 aaaaaatatg ccccgatgg caaactttgt atacaacatg tacatgcatt tgatacagac720
tacacatcat tatcatcaga ctttattaca actaccacct gctatggtag aagaggggtga780
ggaagtcca aatcaagaaa cagagttgga aacagaagaa gaggccatga ctgttcaagc840
tgacatcata cccagtcaca cagacaccag ctgccgtcaa gaaactccag cctttgagcg900
tgagagccgc cccggtgggg aaggggcaat tgcgttgggg gggcttgggt gtttttt 957

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 760 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 139

```

35 gtggaataca atagatatta atttgtgggtt gggtttttctg cctgctttaa atgaaatgta 60
ttatgtttct gggttccttt tttagctgta aaaatacttc gtcactaaag catgaaattt120
aatcagcagt tgttcttcaa gttcctgaaa gctataaaag tttctcatga cttgagtgggt180
tttttccctg cccaccagag gagaaagccc ttgtagaatt ctgcagtgtt acaagtgttc240
cctacaaaaa ctgaaaccat cagctcctct ttaacaagtt ggctttttaa aagcacgtaa300
ttacaattta atgggtattct gtaaagtggg gctctaggca taatttaa at tctttttaat360
gactatattt cttcaaaact ttgaaagaaa aatgtgttct ttttgctgca tcctttgtaa420
gaagactgcc aacagaggaa aaaggacttt acaaattaag accatcttgg tttcatttcc480
acaaagatga gaacaaatca tgggtgttagg aaaggatcct tagaagaaca caagaatttg540
aaagcccttg gtggttatca ctactatatt tcatatttcc acagaagtga cttagccaag600
ctctgcattt tgagcctgct gactttcatt taaaaggaat gaaaggctga aaatccaggc660
45 tgctgtgtct gtagataaag gtcaaaccat gtttgagttc ttcactgttg tgtccaccta720
aataaaactg agtaagtaat gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 760

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 280 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 140

15

```

aggaaccctc cggcctagaa gttcagatgt cttgccaata tatctgtgct tcacaacttg 60
cctactctct ctgacccta acattttcac atacttttcc aattctgcct gtcataaatt120
tgctgcttcc ccctaagtag aatggttgatt cctgtcaaac acacagccta gccctgattc180
ctcctcttct ctcaagcagt gatattgtca acaatgataa acaactacta tgtactgagt240
gtttttttat gtgctgctca cactttatac acatgtatag 280

```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 251 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 141

45

```

aaaagcatag ctcaactctgt aataggctat tttcatgatt tcaagtgggt ttatgaagaa 60
acagaaagca gtgatgatgt tgaagtgtctg actctcaaga aattcaaagg agacctggcc120
tacagacgac aagagtatca ggtagaattc aacatatggt gcttgaagtg ggctcttggt180
ttatcagtta tggcatatgt aaataacagt gtaccaagtt agtgtggtgt tatgagtgga240
gttaaccttt g 251

```

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 461 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 142

```
gcggccgcgtc gaggaagca cccgcgggtt ggccgaagtc cacgaagccg ccctctgcta 60
gggaaaaccc ctggttctcc atgccacacc tctctccagg tgccctctgc ctcttcaccc120
cacaagaagc cttatcctac gtccctctct ccatctatcg gacccagtt tccatcacta180
tctccagaga tgtagctatt atgcgcccgt ctacaggggg tgcccagca tgacgggtgcc240
ttcgcagtca aattactctt cgggtcccaa ggtttggtt tcacgcgtc cattgccccg300
gcgtggcagg ccattccaag cccttcggg ctggaactgg tgcggagga gcctcgggtg360
tatcgtaacg cctggtgttg gtgttgctc actcctctga gctcttctt ctgatcaagc420
cctgcttaaa gttaaataaa atagaatgaa tgataccccg g 461
```

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 436 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 143


```

caaagatgtc atgtggccag aatcatcttt tagtctcacc actccacact gatggtcaca 60
tagagggtgtg agttgggaag ttgttaaata caagagggtt tgagcttctg gagaagagga120
aaatgtaaaa gtattttttc ctttaagaaa gataaaaagg taagcctaaa cttggcggc180
caccgaagtc agctgttacg catgtgtagt taaatttcac tgtaaataatt tcataagggt240
5 tcttagaatg gagccaggtt gacatcacag cccaactgt accaaaggaa ccatttcatt300
caaataagcc aacatttcca aagaaacacg aatgtctatg gcagagttaa cataagggtca360
gaaaatcctc tggaagaaat ttcggtatca atgtttataa tctctgcatt taggggtttg420
ccagtttggg caaaaa 436

```

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 287 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 144

```

35 ctttaaagta gggctgtgga agggggatat agtagagggg gagagggctg ttttatacac 60
gtataaatgg tataccaccat ttatacacgg tggtcagaga agctctgatc aggtgacgta120
tgtacagaaa gtcactgtgg cctgagttaga gtcaaggaga aggagcagca agagttgagc180
ttagggaggt ggagaagggg tggaatagat caagcaagac cttggccctg gtagggatct240
gggatttaaa gtgagaggac aaccgttggg atgttgtgag cacagaa 287

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 555 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 145

10 ggcgacgcct cgggtactgac ctctgcagag cggggtggag cccattgacg tccagcgaac 60
 gaggagcagc gatggacggt cgggtgcagc tgataaaggc cctcctggcc ttgccgatcc120
 ggccctgcgac gcgtcgctgg aggaaccgga ttccctttcc cgagacgttt gacggcgata180
 ccgaccgact cccggagttc atcgtgcaga cgggctccta catgttcgtg gacgagaaca240
 cgttctccag cgacgccctg aagggtgacgt tcctcatcac ccgcctcaca gggcccgccc300
 tgcagtgggt gatccccctac atcaagaagg agagccccct cctcaatgat taccggggct360
 15 ttctggccga gatgaagcga gtctttggat gggaggagga cgaggacttc taggccggga420
 gaccctcggg cctgggggcg ggtgctctgg ggagggtccg ctgtgttact ggccgccgcc480
 agggtcgcca ccggcgccct cctccgcga gtccctcccc ctcgaaaccg ccgcgaagtc540
 ccctgcgggtg ctgtt 555

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1790 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 146

45 agtgagaaag cagggaactct tcggcctagg cagccgggac ccagccagcc ctgcgcctcg 60
 cgccgtcgcg catgcgtcct ggtctttctc tagagttgta tatatagaac atcctggagt 120
 ccaccatgaa cggacagtgg gatctaagtg ggaagctaata catcaaagct caacttgggg 180
 aggatattcg gcgaattcct attcataatg aagatattac ttatgatgaa ttagtgctaa 240
 tgatgcaacg agttttcaga ggaaaacttc tgagtaatga tgaagtaaca ataaagtata 300
 aagatgaaga tggagatctt ataacaattt ttgatagttc tgacctttcc tttgcaattc 360
 50 agtgcagtag gatactgaaa ctgacattat ttgttaatgg ccagccaaga ccccttgaat 420
 caagtcagggt gaaatatctc cgtcgagaac tgatagaact tcgaaaataa gtgaatcggt 480
 tattggatag cttggaacca cctggagaa caggaccttc caccaatatt cctgaaaatg 540
 atactgtgga tggtagggaa gaaaagtctg cttctgattc ttctggaaaa cagtctactc 600
 aggttatggc agcaagtatg tctgcttttg atccttttaa aaaccaagat gaaatcaata 660
 55 aaaaatgttat gtcagcgttt ggcttaacag atgacagggt ttcagggccca cccagtgctc 720
 ctgcagaaga tcgttcagga acaccgcga gcattgcttc ctcctcctca gcagctcacc 780
 caccaggcgt tcagccacag cagccaccat atacaggagc tcagactcaa gcaggtcaga 840

```

ttgaagggtca gatgtaccaa cagtaccagc aacaggcccg ctatgggtgca cagcagccgc 900
aggtccacc tccagcagcct caacagtatg gtattcagta ttcagcaagc tatagtcagc 960
agactggacc tcaacaacct cagcagttcc agggatatgg ccagcaacca acttcccagg 1020
caccagctcc tgccttttct ggtcagcctc aacaactgcc tgctcagccg ccacagcagt 1080
5 accaggcgag caattatcct gcacaaactt aacttgccca aacttctcag cctactaatt 1140
atactgtggc tccctgcctc caacctggaa tggctccaag ccaacctggg gcctatcaac 1200
caagaccagg ttttacttca cttcctggaa gtaccatgac ccctcctcca agtgggccta 1260
atccttatgc gcgtaaccgt cctccctttg gtcagggtca taccacaacct ggacctgg 1320
atcgataagg aggtcctcct acaccaatta atgtagctgc tagctattgg cctcccaaaa 1380
10 gactccagta ctattttaat ttgtattgaa gaagttcaga aattttaaag cagagcattt 1440
tttatgatat cattgttggg gtttaattgaa agtataattt gctggaacac aaagaccaa 1500
atgaaagttt tttcctccct gcttaaaaaa gtagcagctt cttagttact ttggaacact 1560
actcttacat gtataaagtg attgacttga ctttctagct tcccttgctc ggaggatatt 1620
aaaatgcttg ggtgaggttt agccatctta cttggctttt tactattaac atgatgtact 1680
15 aaagtagagc cttttgagaa tacaagatat tatgtataaa atgtaacact gatgataggt 1740
taataaagat gattgaatcc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaca 1790

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 147

```

ctcgagccga atcggctcga ggcagacact gcagcgggca aagagctccc gaggaagcac 60
agcttgggtc aggttcttgc ctttcttaat gttagagaca gctaccggaa ggaggggaac 120
aaggagtctt cttccgcagc ccttttcccc acgccacacc ccagtctcca gggacccttg 180
45 cctgcctcct aggtctggaag ccatgggtccc gaagtgtagg gcaagggtgc ctccagacct 240
tttgggtctt agcctccctc agccccagg atctgggtta ggtggccgct cctccctgct 300
cctcatggga agatgtctca gagccttcca tgacctcccc tccccagccc aatgccaaagt 360
ggacttggag ctgcacaaag tcagcaggga ccactaaatc tccaagacct ggtgtgcgga 420
ggcaggagca tgtatgtctg caggtgtctg acacgcaagt gtgtgagtgt gagtgtgaga 480
50 gatggggcgg ggggtgtgtc gttaggtgtc ctgggcctgt gtgtgggtgg ggttatgtga 540
gggtatgaag agctgtcttc cctgagagat ttccctcagaa ccacagtgga gaggggaggg 600
ctcctggggc agagaagtcc cttaggtttt ctttggaatg aaattcctcc tccccccat 660
ctctgagtag aggaagccca ccaatctggc ctttgcaagt tgcagggtgg aaggttaagag 720
75 gttgggtgag agttggggct agctataggc ctgcagcctg ctggggctaa gcggtggagg 780
55 aaggctctgt cactccaggc atatgtttcc ccatctctgt ctggggctac agaatagggt 840
ggcagaagtg tcaccctgtg ggtgtctccc tccgggggctc tccccctaga cctccccctc 900
acttacataa agctcccttg aagcaagaaa gaggtgcca gggctgcaaa actggaagca 960
cagcctcggg gatggggagg gaaagacggg gctatatcca gttcctgctc tctgctcatg 1020
ggtggctgtg acaaccctgg cctcacttga ttcactctgt gttttcttgc caccctctgg 1080

```

```

gagtccccat cccatttcca tcttgagccc aaccaggccc tgccatggc ctcttgcccc1140
ttggcacact tgtaccacaca ggtgaggggc aggacctgaa ggtattggcc tgttcaacaal200
tcagtcacatc tgggtgtttt tgtcaactgc ttgttaattg atttggggat gtttggcccg1260
aatgagaggt tgaggaaaag actgtgggtg gggaggccct gcctgaccca tcccttttcc1320
5 tttctggccc cagcctaggt ggaggcaagt ggaatatctt atattgggag atttgggggc1380
tcggggaggc agagaatctc ttgggagtct tgggtggcgc tgggtgcattc tgtttcctct1440
tgatctcaaa gcacaatgtg gatttgggga ccaaagggtc gggacacatc cccttagagg1500
acctgagttt gggagagtgg tgagtgaag ggaggagcag caagaagcag cctgttttca1560
ctcagcttaa ttctccttcc cagataaggc aagccagtca tggaatcttg ctgcaggccc1620
10 tccctctact cttcctgtcc taaaaatagg ggccgttttc ttacacaccc ccagagagag1680
gagggactgt cacactgggt ctgagtgacc gggggctgct gggcgtctgt tctttaccaal1740
aaccatccat ccctagaaga gcacagagcc ctgaggggct gggctgggct gggctgagcc1800
cctggtcttc tctacagttc acagaggtct ttcagctcat ttaatcccag gaaagaggca1860
tcaaagctag aatgtgaata taacttttgt ggaccaatac taagaataac agaagccca1920
15 gtggtgagga aagtgcgttc tcccagcact gcctcctgtt ttctccctct catgtccctc1980
cagggaaaat gactttattg cttaatttct gcctttcccc cctcacacat gcacttttgg2040
gccttttttt atagctggaa aaaacaaaat accaccctac aaacctgtat ttaaaaagaa2100
acagaaatga ccacgtgaaa tttgcctctg tccaaacatt tcatccgtgt gtatgtgtat2160
gtgtgtgagt gtgtgaagcc gccagttcat ctttttata ggggttggtg tctcattttg2220
20 gtctgttttg gtccccctcc tcgtgggctt gtgctcgcca ccaaagagaa aaacgttttg2280
ggggcttgta atttatcctg aaaaatttaa ctttgagcga aaagggggag tgttttaccg2340
tgggggggta aaataaa
2357

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 907 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 148

```

gttcattgtc tggcaccaag ctccctgggg tgaattttct tccaaaagag tccggggagt 60
ccaggtcctt cttcctgggt actcataaac cgccccatt tctcactccc attggggcgtc120
50 gggtttctag agaagccaat cagtgtcgcc gcagttccca ggttctaaag tcccacgcac180
cccggggagc tcatattttt cccagacgcg gaggttgggg tcatggcgcc ccgaagcctc240
ctcctgctgc tctcaggggc cctggccctg accgataact gggcggggtg gtgcggggtc300
cagagagaaa cggcctctgt ggggaggagt gaggggcccg cccggtgggg ggcgaggact360
cagggagccg cgcccggagg aggtctggc gggctctcag ccctcctcgc ccccaggctc420
55 ccaactcctt aggtatttca gcaccgctgt gtcgcggccc ggccgcgggg agccccgcta480
catcgccgtg gagtacgtag acgacacgca attcctgcgg ttcgacagcg acgcccgcga540
tccgaggatg gagccgcggg agcctgtggg ggagcaagag gggccgcagt attgggagtg600
gaccacaggg tacgccaagg ccaacgcaca gactgaccga gtggccctga ggaacctgct660
ccgcccgtac aaccagagcg aggtcgggtg gtgaaccggc ccggggggcg aggtcacagag720

```

caccccccat cccgcacggg accgcccggg tccttcagag ttccgggtgc gaaatgtacc780
 ccgagggagg ggaggcgttg gattgctgga gtggatactg ggggggtttt acgcaggttc840
 attttcagtt taggcacaaa tccccgcggg ttgggcgggg atgggggggg gttaggtggg900
 cggggtt 907

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

10

(A) LÄNGE: 1987 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 149

30 aggaggcgtg gggggggggg cgggggagtc agggaagagc accatcgtca agcagatgaa 60
 gatcatccac gaggatggct actccgagga ggaatgccgg cagtaccggg cggttgctca 120
 cagcaacacc atccagttcca tcatggccat tgtcaaagcc atgggcaacc tgcagatcga 180
 ctttgccgac ccctccagag cggacgacgc caggcagcta tttgcaactgt cctgcaccgc 240
 cgaggagcaa ggcggtgctcc ctgatgacct gtccggcgctc atccggaggc tctgggctga 300
 35 ccatggtgtg caggcctgct ttggccgctc aagggaatac cagctcaacg actcagctgc 360
 ctactacctg aaccgacctg agcgtattgc acagagtgc tacatcccca cacagcaaga 420
 tgtgctacgg acccgcgtaa agaccacggg gatcgtggag acacacttca ccttcaagga 480
 cctacacttc aagatgtttg atgtgggtgg tcagcggctc gagcgggaaga agtggatcca 540
 ctgctttgag ggcgtcacag ccatcatctt ctgcgtagct tgagcgcta tgacttggtg 600
 ctagctgagg acgaggagat gaaccgcatg catgagagca tgaagctatt cgatagcatc 660
 tgcaacaaca agtggttcac agacacgtcc atcatcctct tcctcaacaa gaaggacctg 720
 tttgaggaga agatcacaca cagtccccctg accatctgct tccctgagta cacaggggcc 780
 aacaaatatg atgaggcagc cagctacatc cagagtaagt ttgaggacct gaataagcgc 840
 aaagacacca aggagatcta cagcacttc acgtgcgcca ccgacacca gaacgtgcag 900
 45 ttctgtgttg acgccgtcac cgatgtcatc atcaagaaca acctgaagga ctgcggcctc 960
 ttctgagggg cagcggggcc tggcgggatg ggccaccgcc gactttgtac ccccaaccc1020
 ctgaggaaga tgggggcaag aagatcacgc tccccgcctg ttcccccgcc gcttttctcc1080
 tctttcctct ctttgttctc agtccccct gtccccctcag ctccagacgt aggggagggg1140
 ttgccacagg cctccctgtt tgaagcctgc ccttgtctga gatgctggta atggccatgg1200
 50 taccctcttc tgggcatctg ttctgtgttt taaccattgt cttgttctgt gatgagggga1260
 ggggggcaca tgctgagctc cccaaggctg cgtctggagg gggccctgct tctccagcct1320
 ggacccccag ctttgcccaa caccagcccc tgccccagcc caagtccaaa tgtttacagg1380
 gagcctcctg cccagtcccc caacccccagc cgctcggagg ccccaaagga aaaagcacaa1440
 gaagcgtgag acgccaccat tcctggaac cacagtccac ctgctcattc tcgtagcttt1500
 55 ttaaaaaaat gaaagtaaa gaaaaaaa aaactgcaaa tctagaaaac tttttagaga1560
 aaaactatctt aaaactgtca gatcctgacc agcaagcgcc cccccagccc cccttccaag1620
 tgactccgtg ccttgagtggt gtctgcgtgt ttacaccgt ccctctgctg gccgcccccg1680
 tgcgagcggc acccctgccc tgccctccac agaattgggt tccaagggt gttccagaca1740
 actgccaacg tcaactgaggg ccctgccccca gcggccctgg cccaggtc tattaacct1800

```

aatgtagct ccctagcct aacctaggaa ccgcccgtgc ctgctcggg gccacgcccc1860
tcatgccctt gtcccaggcc cggggccttc agcgttgaac acttccttgc ttttttcaca1920
tggttttatgg aattgttcac ctggtttgaa ataataaaat gtagaaagga aaaaaaaaaa1980
aaaaaaa                                     1987

```

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1563 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 150

```

30 cgacttcctg cgggaaacat ggccggcattg agcggagtc cgtggctgac ccgagcgtg 60
   gtctccgccg ggaaccctgg ggcattggaga ggtctgagta cctcggccgc ggccgacgct 120
   gcatcgccga gccaggccga ggacgtgagg gtggagggt cctttcccgt gaccatgctt 180
   ccgggagacg gtgtggggcc tgagctgatg caccgcgtca aggaggtgtt caaggctgcc 240
   gctgtcccag tggagttcca ggagcaccac ctgagtgagg tgcagaatat ggcatctgag 300
35 gagaagctgg agcaggtgct gagttccatg aaggagaaca aagtggccat cattggaaag 360
   attcataccc cgatggagta taagggggag ctaccctcct atgatatgcg gctgaggcgt 420
   aagttggact tatttgccaa cgtagtccat gtgaagtcac ttcctgggta tatgactcgg 480
   cacaacaatc tagacctggt gatcattcga gagcagacag aaggggagta cagctctctg 540
   gaacatgaga gtgcaagggg tgtgattgag tgtttgaaga ttgtcacacg agccaagtct 600
   cagcggattg caaagttcgc ctttgactat gccaccaaga aggggcgggg caaggtcact 660
   gctgtccaca aggccaacat catgaaactt ggggatgggt tgttcctgca gtgctgtgag 720
   gaagttgctg aactgtaccc caaaatcaaa tttgagacaa tgatcataga caactgctgc 780
   atgcagctgg tgcagaatcc ttaccagttt gatgtgcttg tgatgcccac tctctatggg 840
   aacattattg acaatctggc tgctggcctg gttgggggag ctggtgtggt ccctggtgag 900
45 agctatagtg cagaatacgc agtctttgag acgggtgccc ggcacccatt tgcccaggca 960
   gtgggcagga atatagccaa tcccacggcc atgctgctgt cggcttccaa catgctgcgg1020
   catcttaatc ttgagtatca ctccagcatg atcgagatg cggatgaaga ggtgatcaaa1080
   gttggcaagg tgcggactcg agacattggc ggctacagca ccacaaccga cttcatcaag1140
   tctgtcatcg gtcacctgca gactaaaggg agctagagcc ctttatttct tccaaccttg1200
50 caaggaccac actcccata ccttccagt cagtgtaccg gggaagagac cttgtgcctc1260
   taagcagtgg accatggtca ccttgctggg tagagcctag gttgtccttg ggccggtctc1320
   cttaggggac agactgttgg gtggtgatgg ggattgttag gatggagccc aggccacatg1380
   gatgatgatg attctcccc acaggttcga acctctgaca tgggtggcta tgctacttgc1440
   catgacttca ctgaggctgt cattgctgcc ttgccccacc cataggccct gtccataccc1500
55 atgtaagggtg ttcaataaag aacatgaacc aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa1560
   aaa                                     1563

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2906 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 151

```

25  gtccagaagc aaaaattaag ttccccaagt tttccatgcc caagatcggc atcccaggtg 60
    tgaaaatggg ggggtgggga gccgaggtcc atgccagct accctctctt gaaggagact 120
    tgagaggacc agatgttaag ctcgaagggc ccgatgtttc tctaaagggg ccaggagtag 180
    acttgccctt agtgaacctc tctatgccaa aagtctcttg gcctgacctt gatctgaact 240
    tgaaaggacc aagtttgaag ggagacctgg atgcatctgt tcccagcatg aaggtgcatg 300
    ctccagggtc caacctcagt ggtgtcggtg gcaaaatgca ggtgggagga gacggtgtga 360
30  aagtgccagg gatcgatgcc acaacaaagc ttaacgttgg ggcaccagat gtgacactga 420
    ggggaccaag cctgcaggga gatctggctg tctctgggtg catcaaagtc cctaaagtat 480
    ccgtaggagc tccatgatcta agcttggagg catccgaagg cagcattaaa cttcccaaaa 540
    tgaagctgcc ccaatttggc atctctactc cggggtccga cttgcacgtc aatgccaaag 600
    ggccacaggt ttctggcgaa ctgaaggggc caggtgtgga tgtgaacctg aaagggcctc 660
35  ggatttcagc accgaatgtg gactttaact tggaaggacc aaaagtgaag gggagccttg 720
    gggccactgg tgagatcaaa ggccccactg tcggaggagg tcttccaggc attggtgttc 780
    aaggcctaga aggaaacctc cagatgcctg gaattaagtc ctctggatgt gatgtgaacc 840
    tgccaggcgt gaatgtgaaa ctcccaactg ggcagatttc tgggcctgaa atcaaagggtg 900
    gtctgaaagg ttcagaagta ggtttccatg ggcctgctcc tgatatcagt gtgaaggggc 960
    ctgcctttta tatggcatct cctgagtcag attttggcat caacttgaag ggcccaaaaa1020
    tcaaaggagg tgcggatgtt tcagggggtg tcagtcccc agacatcagc cttggtgaag1080
    ggcatttgag tgttaaaggt tccgggggtg agtgaaggg accccaagtc tctctgctc1140
    tcaacttggg cacatctaag tttgctgggg gccttcattt ctcaggacca aaggtggaag1200
    gaggtgtgaa aggaggtcag attggactcc aggtcctctg gctgagtgtg tctgggcctc1260
45  aaggtcactt ggaaagtgga tctggaaaag taacattccc taaaatgaag atcccaaat1320
    ttaccttctc tggccgtgag ctggttgcca gagaaatggg ggtggatgtt cacttcccta1380
    aagcagaggc cagcatccaa gctggtgctg gagacggcga gtgggaagag tctgaagtca1440
    aactgaaaaa gtccaagatc aaaatgcccc agtttaattt ttccaaacct aaagggaag1500
    gtggtgtcac tgggtcacca gaagcatcaa tttctgggtc caaagggtgac ctgaaaagtt1560
50  caaaggccag cctgggtctc ctggaaggag aggcagaggc cgaagcctct tcaccgaaag1620
    gcaaattctc cttattttaa agtaagaagc cagggcaccg ctcaaattca ctcatgtatg1680
    aaagagagtt ctctggacct tccaccccga cggggacgct ggagtttgaa ggtggggaag1740
    tgtctctgga aggtgggaaa gttaaaggga aacacgggaa gctgaaattc ggtacctttg1800
    gtggattggg gtcaaagagc aaaggtcatt atgaggtgac tgggagcgat gatgagacag1860
55  gcaagttaca ggggagtggg gtgtccctgg cctctaagaa gtcccgaactg tctcctctct1920
    ctagcaatga cagtgggaat aaggttggca tccagcttcc cgaggtggag ctgtcagttt1980
    ccacaaagaa agagtagcag gcctttgtag aacaaaacat cagccttggg tgggtgtgtt2040
    ctatataaac tccaaaggga aacacaccga ctgcctcagc aatcatgcaa agaccttgcc2100
    tggcccgggt gcaagcgctg aaaaaccgac cgctgtagg ctctggaac tatacagata2160

```

```

ggtaaagagt tccaag tccagcccat gtgcaaagtc aacagt gccttaagat2220
ttcatatata tatatttttt tgcattgact gctgagagct cctgtttact aagcaagctt2280
ttgtgtttat tatcctcatt tttactgaac attgttagtt ttggggtaat ggaaaccac2340
tttttcattg taatgacttt gggggctttt gttagtaagg gtgggtgggg tgatgggttg2400
5 cagacggagg tcaggctctc ctctttcctg agactggatc tgttcaaaca gcaaacgcc2460
acagatggcc cagagtggtg ggtagtcagg gtgtgtgggt gtttttaggg ttcttttagtg2520
ttgtttcttt caccagggg tggtggtccc agccagtttg gtgctgacgg tgagaggaaa2580
ttagaatctg tttgcaaatt gtccaacca cccctcaac atgaggggct tccattttct2640
gtgttttgta agggaactgt ttccttcatt ccgccatgtt cctgatatta gttctgattt2700
10 ctttttaaca aatgttatca tgattaagaa aatttccagc actttaatgg ccaattaact2760
gagaatgtaa gaaaattgat gctgtacaag gcaataaag ctgtttatta accttgaaaa2820
aaaaaaaaa aagggaggga ggggggggag gggggagggg gggggggggg aggggggggg2880
agggagggaa agggggggcg gggagg 2906

```

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1032 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 152

```

gacgtccttg gcgtggctgc aggggaggcc gcggcgggga aaatggcgga cgggaaggcg 60
ggagacgaga agcctgaaaa gtcgcagcga gctggagccg ccggagtaat ggaggggaaa 120
gttccagtcg cagcgtgag aagcgatcag ctgaagaaga agctgccgac ctccaacaa 180
agcctacaaa gatctccaag tttggatttg ccataggtag tcagacgaca aagaaagcat 240
cagccatata catcaaactt ggatcaagta agcctaaaga aactgttcca actcttgctc 300
caaaaactct ttcagtagca gcagctttta atgaagatga agatagtga ccagaggaaa 360
45 tgcctccaga agcaaagatg aggatgaaga atattggaag ggatacacca acatcagctg 420
gaccaaactc cttcaataaa ggaaagcatg ggttttctga taaccagaag ctgtgggagc 480
gaaatataaa atctcatctt ggaaatgtcc atgaccaaga caattaaatg atgttttgaa 540
attggggtgt ggggtgggtg taaagttaaa aggaacagtt tcctttttta aagaatggtg 600
taagactatc tttggagccg cttttttttt ctttttcatt tttttaaaag attgagtggg 660
50 aactaataaa atgagagttt gaaattagag gtaatttatg ttttatatac agatttcaag 720
acatttgcta attttgtagt ttcatgtgat tagtttccaa aggttacaga taataaagaa 780
atcagaaatg gtacctttt aagaattgca tattttttta gacacaacta ttagcacatt 840
aagagggaag caaagttaact gtctatttaa aactgcaagc agttaactct ctttaactccc 900
ttattaccta aacttgctgt gctcccagga acagccttat agagagaggg agtattgtat 960
55 tgggaagaaa atgttactga actattgact gaaagtaaat ttagataaaa tacagctaaa1020
aaaaaaaaa aa 1032

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2367 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 153

25	gcctcccgcc	cgccgcctct	gtctccctct	ctccacaaac	tgcccaggag	tgagtagctg	60
	ctttcggtcc	gccggacaca	ccggacagat	agacgtgcgg	acggcccacc	accccgagccc	120
	gccaaactagt	cagcctgcgc	ctggcgccctc	ccctctccag	gtccatccgc	catgtggccc	180
	ctgtggcgcc	tcgtgtctct	gctggccctg	agccaggccc	tgccctttga	gcagagaggc	240
	ttctgggact	tcaccctgga	cgatgggcca	ttcatgatga	acgatgagga	agcttcgggc	300
	gctgacacct	cgggcgtcct	ggacccggac	tctgtcacac	ccacctacag	cgccatgtgt	360
30	cctttcggt	gccactgcca	cctgcgggtg	gttcagtgt	ccgacctggg	tctgaagtct	420
	gtgccc aaag	agatctcccc	tgacaccacg	ctgctggacc	tgagaacaa	cgacatctcc	480
	gagctccgca	aggatgactt	caagggtctc	cagcacctct	acgccctcgt	cctgggtgaac	540
	aacaagatct	ccaagatcca	tgagaaggcc	ttcagcccac	tgcggaagct	gcagaagctc	600
	tacatctcca	agaaccacct	ggtggagatc	ccgccc aacc	taccagctc	cctgggtggag	660
35	ctccgcatcc	acgacaaccg	catccgcaag	gtgccc aagg	gagtgttcag	tgggctccgg	720
	aacatgaact	gcctcgagat	gggcgggaac	ccactggaga	acagtggctt	tgaacctgga	780
	gccttcgatg	gcctgaagct	caactacctg	cgcctctcag	aggccaagct	gactggcatc	840
	cccaaagacc	tccttgagac	cctgaatgaa	ctccacctag	accacaacaa	aatccaggcc	900
	atcgaactgg	aggacctgct	tcgctactcc	aagctgtaca	ggctgggcct	aggccacaac	960
	catatcagga	tgatcgagaa	cgggagcctg	agcttcctgc	ccaccctccg	ggagctccac	1020
	ttggacaaca	acaagttggc	cagggtgccc	tcagggtctc	cagacctcaa	gctcctccag	1080
	gtgggtctatc	tgactccaa	caacatcacc	aaagtgggtg	tcaacgactt	ctgtcccatg	1140
	ggcttcgggg	tgaagcgggc	ctaactacaac	ggcatcagcc	tcttcaacaa	ccccgtgccc	1200
	tactgggagg	tgacgcgggc	cactttccgc	tgcgctactg	accgcctggc	catccagttt	1260
45	ggcaactaca	aaaagtagag	gcagctgcag	ccaccgcggg	gcctcagtgg	gggtctctgg	1320
	ggaacacagc	cagacatcct	gatggggagg	cagagccagg	aagctaagcc	agggcccagc	1380
	tgcgtccaac	ccagccccc	acctcggtgc	cctgacccca	gctcgatgcc	ccatcaccgc	1440
	ctctccctgg	ctcccaaggg	tgcaagtggtg	cgcaaggccc	ggcccccatc	acatgttccc	1500
	ttggcctcag	agctgcccc	gctctcccac	cacagccacc	cagaggcacc	ccatgaagct	1560
50	ttttctcgt	tcactccaa	acccaagtgt	ccaaggctcc	agtcctagga	gaacagtccl	1620
	tgggtcagca	gccaggaggc	ggtccataag	aatggggaca	gtgggctctg	ccagggtctg	1680
	cgcacctgtc	cagacacaca	tggtctgttc	ctcctcctca	tgcatttcca	gcctttcaac	1740
	cctccccgac	tctgcggctc	ccctcagccc	ccttgcaagt	tcatggcctg	tccctccaag	1800
	accctgctc	cactggccct	tcgaccagtc	ctcccttctg	ttctctcttt	ccccgtcctt	1860
55	cctctctctc	tctgtgtgtg	tgtcgtgtgt	gtgtgtgtgt	gtgtgtgtgt	gtctgtgtgt	1920
	tcctcagacc	tttctcgctt	ctgagcttgg	tggcctgttc	cctccatctc	tccgaacctg	1980
	gcttcgcctg	tccctttcac	tccacaccct	ctggccttct	gccttgagct	gggactgctt	2040
	tctgtctgtc	cggcctgcac	ccagccctg	cccacaaac	cccagggaca	gcgggtctccc	2100
	cagcctgccc	tgctcaggcc	ttgcccccaa	acctgtactg	tcccggagga	ggttggggagg	2160

tggaggccca gcatcccgcg cagatgacac catcaaccgc cagagcca gacaccgggtt2220
 ttcttagaag cccctcacc ccactggccc actggtggct aggtctcccc ttatccttct2280
 ggtccagcgc aaggaggggc tgcttctgag gtcgggtggct gtctttccat taaagaaaca2340
 ccgtgcaacg tgaaaaaaa aaaaaaa 2367

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1314 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 154

30 cacacacctg cacataactca tgcattgcaca tgtacacacg cagtcacaca tgcactcacg 60
 cagttgcaca cacacgcattg ctcaactccca cactgtgtgc actcagggtg ctgtgttggg 120
 cagttggggc cagggtctccc ctgctgtcct gtggggcccg catctgctct ccttctttct 180
 ccccaggtag ttctactccc gaaggattga catcaccctg tgcagtcga agtgcttcca 240
 caagctggcc tctgcctatg gggccaggca gctgcagggc tactgcgcaa gcctctttgc 300
 35 catcctctct ccccaggacc cctcggttcca gatgccctg gacctgtatg cctatgcagt 360
 ggccacaggg gacgccctgc tggagaagct ctgcctacag ttcttggcct ggaacttcga 420
 ggcccttgac caggccgagg cctggcccag tgtcccccac gacctgctcc aactgctgct 480
 gccagaggac gacctggcgg tgcccagcga gctggcccta ctgaaggccg tggacacctg 540
 gagctggggg gagcgtgcct cccatgagga ggtggagggc ttggtggaga agatccgctt 600
 ccccatgatg ctccctgagg agctctttga gctgcagttc aacctgtccc tgtactggag 660
 ccacgaggcc ctgttccaga agaagactct gcaggccctg gaattccaca ctgtgccctt 720
 ccagttgctg gcccggtaca aaggcctgaa cctcaccgag gataacctaca agccccggat 780
 ttacacctcg cccacctgga gtgcctttgt gacagacagt tcttggagtg cacggaagtc 840
 acaactggtc tatcagtcga gacggggggc tttggtcaaa tattcttctg attacttcca 900
 45 agccccctct gactacagat actaccctta ccagtccttc cagactccac aacaccccag 960
 ctctctcttc caggacaaga ggggtgtcctg gtccctggtc tacctcccca ccatccagag 1020
 ctgctggaac tacggcttct cctgctcctc ggacgagctc cctgtcctgg gcctcaccaal 1080
 gtctggcggc tcagatcgca ccattgccta cgaatacaaa gccctgatgc tctgcgaagg 1140
 gctcttcgtg gcagacgtca ccgatttcga gggctggaag gctgcgattc ccagtgcctt 1200
 50 ggacaccaac agctcgaaga gaacctcctc ctccctctgc cccggcagag cttttcaaac 1260
 gggctttccg caacgggtca atccgcgcct ttctaacttg acaacttct tcag 1314

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 965 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

- (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 155

```
cctcccaaag gaactcccca atactagaac tcattccaaa ccccttgac ttcaacaaat 60
taacgaaccc attccccaac ccacaatacc ccaccctcca acaacctaaa acaacgactt120
catgctcccg tgcccaaaac gcacagacct tcaacctgga cggctccctg atctatgaaa180
gactcccatc gtcttgagct cggctcttcac cagcgtgcgg cagaaaatcg agaaggagga240
tgacagtga ggcgaggaga gtgaggagga ggaagagggc gaggaggaag gctccgaatc300
cgaatctcgg tccgtcaaag tgaagatcaa gcttgccggc aaggagaagg cacaggaccg360
gctgaagggc ggccggcggc ggccgagccg agggctccga gccaaagccg tcgtgagtga420
cgatgacagt gaggaggaac aagaggagga ccgctcagga agtggcagcg aagaagactg480
agccccgaca ttccagtctc gaccccgagc cctcgtttcc agagctgaga tggcataggc540
cttagcagta acgggtagca gcagatgtag ttccagactt ggagtaaaac tgtataaaca600
aaagaatctt ccatatttat acagcagaga agctgtagga ctgtttgtga ctggccctgt660
cctggcatca gtagcatctg taacagcatt aactgtctta aagagagaga gagagaattc720
cgaattgggg aacacacgat acctgttttt cttttccggt gctggcagta ctgttgccgc780
gcagtttgga gtcactgtag ttaagtgtgg atgcatgtgc gtcaccgtcc actcctccta840
ctgtatttta ttggacaggt cagactcgcc gggggcccg cgagggtatg tcagtgtcac900
tggatgtcaa acagtaataa attaaaccaa caacaaaacg caaaaaaaaa aaaccaagg960
cgaga
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 3101 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 156

5
ctcgcgcgcg acacagggag cagcgcagcac gcgtttcccg caaccgcgata ccacgcggaca 60
ggattttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgca catagtgtatt tagatgaaag 120
agctatttgaa gctttaaaag aattcaatga agacgggtgca ttggcagttc ttcaacagtt 180
taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgcc tttttatgtg gagtcatgaa 240
10 gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattctagta aaggaccaga 300
tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg 360
acagaggaag tatggaggac cacctccaga ttccgtttat tcaggtcagc agccttctgt 420
tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgttcc 480
attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtcta atgatggatc cactcactgg 540
15 tctcaataga ggttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt 600
taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attggtgtct gcactctcagt 660
tgccaacaat aggccttttg tgggctctat tccctaagagt aaaaccaagg aacagattct 720
tgaagaatatt agcaaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttatacc accaaccgga 780
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgctt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc 840
20 ccaggtaaaa gtgctgtttg tacgcaacct tgccaatact gtaacagaag agattttaga 900
aaaggcattt agtcagtttg ggaaactgga acgagtgaag aagttaaaag attatgcgtt 960
cattcatttt gatgagcgag atggtgctgt caaggctatg gaagaaatga atggcaaaga 1020
cttgaggagg gaaaatattg aaattgtttt tgccaagcca ccagatcaga aaaggaaaga 1080
aagaaaagct cagaggcaag cagcaaaaaa tcaaatgtat gacgattact actattatgg 1140
25 tccacctcat atgccccctc caacaagagg tcgagggcgt ggaggtagag gtggttatgg 1200
atatcctcca gattattatg gatatgaaga ttattatgat tattatggtt atgattacca 1260
taactatcgt ggtggatatg aagatccata ctatggttat gaagattttc aagttggagc 1320
tagaggaagg ggtggttagag gagcaagggg tgctgctcca tccagagggtc gtggggctgc 1380
tcctccccgc ggtagagccg gttattcaca gagaggaggt cctggatcag caagggcgtc 1440
30 tcgaggtgag agaggaggtg cccaacaaca aagaggccgc gggcagggaa aaggggctgc 1500
ggccggtcct gacctgttac aatgaagact gacttgctat gtgggattac accagaagct 1560
tgcaagtggag taatggtaag gaaatcaagc aaccttaaat atgtcggctg tataggagca 1620
tattctattg cagaagacct tcctatgaag atcatggaat caaatacggg acattgaact 1680
aatacttggg ctttgatatg aatttcttta acaattttct ctgcagtgc agttattaaa 1740
35 ctaaagctac tctattttca aaatgtgttc caacagaaat ccttcataac tcctagcatg 1800
gtatcttaaa aaagaataaa gttcttttaa aaatctgtct taagtagatt ttccccctt 1860
tttaaattaa ggatcccaac agtgggtatt tgaaatattc tcttgaattt gtgcatttaa 1920
attttattgc agtgggtatg atgaatgcca ctgatggtat ccttaaattt tatttctgct 1980
caccaagggt aatcatgatt gtctatatct tttttatagt gatcactttt gaattgtgtt 2040
40 cagatatgca gtttcagggtg taatcatcag agctgggttag tcaggcattc cagatagtgg 2100
ttcttttcag aaccttttta aaagggttg ttaactacct cagtagcaga ggattgaact 2160
ataccctgtc tgtactgtac atagaaaatc tttgtagata aaagcaaggc ttgttaataa 2220
tgatatgagg gtaagatttt aatataccaa atgtaacatt cttagttgcc tttagtttca 2280
gaggcttgta agacttcttc atgaccatca taacaggcct tgcttttgtc gtattttgtg 2340
45 gctgaaaaag cagccttgct tcttcagata ttgtagttat ttggatgtat aatagtttag 2400
caagatgtta cttttgtgag acatcagatg ttcaaaaaag tgcatccgaa cttgtactaa 2460
atactgcagt gtccctttat aaaaagtcag actaaaactg acaattgtac agcgaagcct 2520
gacatttgga tattttgaag ttttttcata aatcatagaa attagtatat ggctgtagtt 2580
tagcttttta ggtaaaagg atgtttcatt agtgcatttc ttctgctga tcaactgtaa 2640
50 catgtgaatc agctttccat ttcttatgca ggtcatgata acttgtagag tagagtacaa 2700
tcatttgtgc tatgttttta attttctaaa gcaccttgat gacagtgagt gtccagtgg 2760
gaagcatcct ctattgaacc accctcaaaa atttttttgc caagtcctaa gttgatagct 2820
taaagtaaaa agtgaaaatt atagtttcat taggacttgg tgtaaagaaa tccccctccc 2880
ccttccccaa agggatactg cagtattatc acatacccaa taggcaccac gatgaagatc 2940
55 agagcttata cttaattaag gttttatata caccagttcc cagtaaatg caaatttaac 3000
aagaaaatca gacatgtcat atgttcaaaa tgctcatggc aaacaatcat tttgcattcc 3060
tgcaataaaa attgttttat actgtaaaac aaaaaaaaaa a 3101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 983 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 157

```

cgggccccgag cggcggtcca gactgggggag ggacgcgcac cggccaggag gcttcaagag 60
gagggcacta gggccctgcg agcggcgtct taaccggcgg cgctaggact ccgcgggaaa120
cggcgggggc ggacgggagg caccaggacc caggggaacc gcgacgggag ggcggcgagc180
aggccccgga gccgggaggt gcgggcgggc gcgctggacc cgacgcggcg agagaggccc240
cgagatgccg agcaagaaga agaagtacaa cgcgcgggttc ccgcccggcg ggatcaagaa300
gatcatgcag acggacgaag agattgggaa ggtggcgggc gcggtgcctg tcatcatctc360
ccggcgctc gagctcttcc tagagtgcgt gttgaagaag gcctgccagg tgaccagtc420
gcggaacgga aagaccatga ccacatccca cctgaagcag tgcacgagc tggagcagca480
gtttgacttc ttgaaggacc tgggtggcatc tgttcccagc atgcaggggg acggggaaga540
30 caaccacatg gatggggaca agggcgcccg cagggccgga agccaggcag cggcgggcgg600
aagaacggtg ggatgggaac gaaaagcaag gacaagaagc tgtccgggac agactcggag660
caggaggatg aatctgagga cacagatact gatggggaag aggagacatc acaacccccca720
ccccaggcca gccacccctc tgcccacttt cagagccccc cgacaccctt cctgcccttc780
gcctctactc tgcttttgcc ccagcgccc ccgggcccct cagcacctga tgaagaggac840
35 gaagaagatt acgactccta gcgccttctg cccccagac catagcccct tttagttggt900
tttagttgct ctggggggag gagagaaggt agagctgttc ttaaatttat taaaaaaaaa960
aataaaaggg aaaaaaaaaa aaa 983

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

- (A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

FIDSYRCFQP KQEGAFICWS AVTGARHLNY GSRLDYTLGD RTLVIDQA SFLLPEVMGS 60
 DHCPVGAVLS VSSVPAKQCP PLCTRFLPEF AGTQLKILRF LVPLEQSPVL EQSTLQHNNQ120
 TRVQTCQNK A QVRSTRPQPS QVGSSRGQKN LKSYFQSPS CPQASPDIEL PSLPLMSALM180
 TPKTPEEKAV AKVVKGQAKT SEAKDEKELR TSEWKSVLG PLRTPLCGGH REPCVMRTVK240
 5 KPGPNLGRRF YMCARPRGPP TDPSSRCNSS SGAGPAEPME AWGHLAWSPL HMI 293

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

25 ETLREKQEEA QGRGAGLRSC AGVTMPDVPR PPLVQLGLLQ RKNCTGRRGQ WEDPGAWHTC 60
 RSGGPSWVLA SSQYASHMAP CGPHRGVCAR APPAQTSRMR SVTPSHLWLL KSWPAPSPLW120
 PLPSLLESSG S 131

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- 35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

50 KRRPKLGPGF FTVRITHGSL WPPQRGVKRG PASTDFQNEV RNSFSSLASE VLACPFETTLA60
 TAFSSGVFGV MRALISGR LG SSMSGEAWGQ LGEG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- 55 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

15 LHLAAQRLY LRPVRGAWA LSLPGERRAE ISNQWSALVT WIPEGREGST VSSAADCCSK 60
NVFSTSFESP SHGNPSTPTR DPTPAVSRI STCTSRDPND SCTNEHYGSC SNCLSTHCVY120
GWKAFGRKKG SSRLKG 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

(A) LÄNGE: 281 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

35 PGSQKVAKAV PFPQRRRTAAV RMSFPPHLNR PPMGIPALPP GIPPPQFPGF PPPVPPGTPM 60
IPVPM SIMAP APTVLVPTVS MVGKHLGARK DHPGLKAKEN DENCPTTTT FVGNISEKAS120
DMLIRQLLAK CGLVLSWKRV QGASGKLQAF GFCEYKEPES TLRALRLLHD LQIGEKLLV180
KVDAKTKAQL DEWKAKKKAS NGNARPETVT NDDEEALDEE TKRRDQMIK AIEVLIREYS240
40 SELNAPSQES DSHPQEEEG KEGGHFPQIS SGPTDPLSTH H 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

CSLVQESLGS LEVQVEEILE TAGVGSVLGV LGFPWEGDSN EVEKTFLLQQ SAAEETVLPS 60
RPSGIQV TSA LHWFEISARR SPGRLSAQAP TRTGRKYSRC AAS 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 1:

NISLLDHPGL QSCLYFLFWI LFTNRERYIS AWKWPDVWKL DIWHFGLHSH GYYSHNKDGS 60
GNSFLDLDQP SRYLGIYYIL FCIFLVLWRD SLAIFGLPEY VFCVYSAPVK WFCLVCHNPH120
GCYMSIS 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 382 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

HEVLCCRMAP LQKAKVIRLI KISPEKPITL AVGDGANDVS MIQEAHVIG IMGKEGRQAA 60
RNSDYAIARF KFLSKLLFVH GHFYIIRIAT LVQYFFYKNV CFITPQFLYQ FYCLFSQOTL120
YDSVYLTLYN ICFTSLPILI YSLLEQHVDP HVLQNKPTLY RDISKNRLLS IKTFLYWTIL180
GFSAFIFFF GSYLLIGKDT SLLGNGQMFG NWTFGTLVFT VMVITVTIKM ALETHFWTWI240
NHLVTWGSII FYFVFSLFYG GILWPFLGSQ NMYFVFIQLL SSGSAWFAII LMVVTCLFLD300
IIKKVFDRLH HPTSTKAQM YSNTVALSDE FIALQPLSRA RNQLSKLSLL KQMQRVSSAWT360
PCAVSRKEKQ RVHLLLECWN EL 382

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- 5 (A) LÄNGE: 85 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

QELNKHKIH I LGAQKWPENP SIKQGKYKIK YNRSPGNEMV DPSPKMSFQS HLYCDCNNHD60
 CEDQSAKCPV SKHLAISKQR CIFPY 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- 25 (A) LÄNGE: 496 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

40 RLEKGPLPFQ MPGMRLPETQ VLPGEIDETP LSKPGHDLAS MEDKTEKWSS QPEGPLKLKA 60
 SSTDMPSQIS VVNVDQLWED SVLTVKFPKL MVPRFSFPAP SSDDVFIPT VREVQCPEAN120
 IDTALCKESP GLWGASILKA GAGVPGEQPV DLNLPLEAPP ISKVRVHIQG AQVESQEVTI180
 HSIVTPEFVD LSVPRTFSTQ IVRESEIPTS EIQTPSYGFS LLKVKIPEPH TQARVYTTMT240
 45 QHSRTQEGTE EAPIQATPGV DSISGDLQPD TGEPPFEMISS SVNVLGQQT L TFEVPSGHL300
 ADSCSDEEPA EILEFPDDDS QEATTPLADE GRAPKDKPES KKSGLLWFWL PNIGFSSSV360
 ETGVDSKNDV QRSAPIQTQP EARPEAELPK KQEKAGWFRF PKLGFSSSPT KKSSTEDGA420
 ELEEQKLQEE TITFFDARES FSPEEKEEGE LIGPVGTGLD SRVMVTSAAAR TELILPEQDR480
 50 KADDESKGSG LGPNEG 496

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 55 (A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

15 SLPASMYWDS KHSHLKFLLA TSLQTAVQMR SQQKFLSFPL MIAKRQPHHW QMKAGLQKTN 60
QKVKNLVCSG FGFQTLGFPL LLMRQVLIPK MTSRDLLPFK HSLRHDQRQN CLKNRRRQAG120
SDFPN 125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

35 MGADLWTSFL ESTPVSSSTEE ENPMFGSQNQ SRPDFLLSGL SFGALPSSAS GVVASWLSSG 60
GNSRISAGSS SEQLSASWWP EGTSNVSVCC PSTLTLEEII SNGSPVSGWR SPEMESTPGV120
ACMGASSVPS 130

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

5 VVYRGVKCFI DKKKKTALEP TYSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSSSSSSSSS SSFFFLFSA 60
 LTTFFFAASG FPLARYAAIS FSYFSFTSQP SFHKAACHLQ QCYSTSLPVS SQHHQWTGQD120
 VLL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 10 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

25 KKLYLLRSIQ NVNKTAAIFF LQLQSGIQLT EQQLSSYKLH QRQLKMKKIK PKKKTKRKKK 60
 KKQKTKLPSP YITNLCCAPT RTCFKFPCQF TTPILYQARL VAIENTTRTG LSKDTFGSVL120
 TIQKKTLYSL KTNLTQPYIS IFFFKRSELC TGGLNAL 157

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 35 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

50 LNMKGKDPKK PRGMSSYAF FVQTCREEHK KKHPDASVNF SEFSKKCSER WKTMSAKEKG 60
 KFEDMAKADK ARYEREMKTY IPPKGETKKK FKDPNAPKRP P\$AFFLFCSE YRPKIKGEHP120
 GLSIGDVAKK LGEMWNNTAA DDKQPYEKKA AK 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 55 (A) LÄNGE: 281 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

15 SGSAGPGPRG PRATESGKRM DCPALPPGWK KEEVIRKSGL SAGKSDVYYF SPSGKKFRSK 60
PQLARYLGNT VDLSSFDFRT GKMMPSKLQK NKQRLRNDPL NQNKGPDLN TTLPIRQTAS120
IFKQPVTKVT NHPSNKVKSD PQRMNEQPRQ LFWEKRLQGL SASDVTEQII KTMELPKGLQ180
GVGPGSNDDET LLSAVASALH TSSAPITGQV SAAVEKNPAV WLNTSQPLCK AFIVTDEDIR240
KQEERVQQVR KKLEEALMAD ILSRAADTEE MDIEMDSGDE A 281

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

40 IIDIIYIKNTS KKALVSAIKK LYVLGYIFFL TGKSQWKHFC SISRNFLLGK VGRKLDPDHIL 60
RLHLHCPPFY PSLLYQQLAT RCLPSVLLPI SCVLAVLALP VS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

IYTSKIHLKR HWLVLLKSSM CSGTFFFLQA KASGNIFVQF LGIFSWGKSV ESYLIIFLGF 60
 ISTVHFNIHL FCISSSRQDV CHQCFFQFLA YLLYSLEFLP DVFICDNKSF AEGLRCVKPN120
 SRVLFHSSGD LPCDWRRACV QSTGNSR 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ECPLGARGPW EPRHPFPLGR GARSRHPCTH GRLAPPQSPP HSQQPFHSHC PSRSPQPSLR60
 PHPHPLRAQG CNPSLSTTHR WYSWG 85

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

NALWGPAGPG SPATLSHLAG VPAAATPARM AGWHPPRALP TASSLSTVTA LPAVPSLPYG 60
 LTRTPSEPR ATPHYPPRTD GTAGAEQPHV EPERVPGARG QDAGGRMTAC PCLTSWGTTL120
 DRGIGQDP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

MPFGGQGGLG APPPFPTWPG CPQPPPLHAW QAGTPPEPSP QPAAFPQSLP FPQSPAFPTA 60
 SPAPFQSPGL QPLIIHHAQM VQLGLNNHWM NQRGSQAPED KTQEAE 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

40

GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPNCPRPS PEVGVTNSSG60
 LRHMKKLYIN PRQATNP 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

45

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

PPTHTRQVGE EIQSCHGENS SVSILAPCGP LLHSGQRYHS QTWSQKGHKG LSTQTAPDPL60
QRLG 64

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

30 RLSCAGTSLG SGPHPSSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHL S PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

35 (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RVFQEEELVR RQRNGASGPR PGLRRLRGGR RAVRRKERLL HRQLPAVHKR GARVKLSSPE 60
RDVERDVFLY RAYLAQRKFG VVLDEIKPSS APQLQAVRMF ADYLAHESRR DSIVAELDRE120
MSRSVDVTNT TFLMAASIY LHDQNPDAAL RALHQGDSLE CTAMTVQILL KLDRLDLARK180
ELKRMQDLDE DATLTQLKVL VSLQRV 206

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

LPRPRESEQ HRGRAGPRDE QERGRDQHHL PAHGRHLHLS RPEPGCRPAC AAPGGQPGVH 60
 SHDSADPAEA GPPGPRPEGA EENAGPGRGC HPHPAQGLGK LATGVKAQGS F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

GTILPIPEIR RILELLHPLQ AYQDLELGEG GILVQVLHSL QLLPGEVQAV QLQQDLHCHG 60
 CALQAVPLVQ RTQGGIRVLV VEIDGGGHEQ EGGVGHVHAP AHLVQLGHD AVPPTLVGEV120
 VSKHAHGLEL RGRGGLDLIQ DHTELPLRQV RSIQEDVPLH VSLWA 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

10 LLSMRMILKP QSFMI LMLR SSNRVTWKLL LIGLDYIRYQ MENQKTSLLL MENSKTRLLL60
LKLLNPLINV GKHC L 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 15 (A) LÄNGE: 340 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

30 RTVIDAMSAL LRLRLTGAPA AACLRLGTSA GTGSRRAMAL YHTEERGQPC SQNYRLFFKN 60
VTGHYISPFH DIPLKVNSKE ENGIPMKKAR NDEYENLFNM IVEIPRWTNA KMEIATKEPM120
NPIKQYVKDG KLRYVANIFP YKGYIWN YGT LPQTWEDPHE KDKSTNCFGD NDPIDVCEIG180
SKILSCGEVI HVKILGILAL IDEGETDWKL IAINANDPEA SKFHDIDDVK KFKPGYLEAT240
35 LNWFRLYKVP DGKPENQFAF NGEFKNKAF LEVIKSTHQC WKALLMKKN GGAINCTNVQ300
ISDSPFRCTQ EEARSLVESV SSSPNKESNE EEQVWHFLGK 340

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

LSILYILFNG IHWLLG LSH FSICPPRYFY NHIKQILIFI ISCFD LSH AI FLFRVHLQRN 60
 IMKGGNVVTS YILKEEAVIL RAGLAALLSV VQGHSTARPG PCTGPQPQAR SGWGTRAQQP120
 QQRAHGVNDG P 131

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

- (A) LÄNGE: 436 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

25 GRGMGRVQLF EISLSHGRVV YSPGEPLAGT VRVRLGAPLP FRAIRVTCIG SCGVS NKAND 60
 TAWVVEEGYF NSSLSLADKG SLPAGEHSFP FQFLLPATAP TSFEGPFGKI VHQVRAAIHT120
 PRFSKDHKCS LVFYILSPLN LNSIPDIEQP NVASATKKFS YKLVKTGSVV LTASTDLRGY180
 VVGQALQLHA DVENQSGKDT SPVVASLLQK VSYKAKRWH DVRTIAEVEG AGVKAWRRAQ240
 WHEQILVPAL PQSALPGCSL IHIDYYLQVS LKAPEATVTL PVFIGNIAVN HAPVSPRPGL300
 GLPPGAPPLV VPSAPPQEEA EAEAAAAGGPH FLDPVFLSTK SHSQRQPLLA TLSSVPGAPE360
 30 PCPDGSPAS HPLHPPLCIS TGATVPYFAE GSGGPVPTTS TLILPPEYSS WGYPEAPPS420
 YEQSCGGVEP SLTPES 436

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

- 35 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

50 SVLFTGVVSP GPSSLPPPPQ PQGEEGGCRG AGRGWAGPEW ARLGQERRHE ALGAPVPGQR 60
 PGLPGEGSTG SALRGQAGFH AAAALLIRRW GLIGVAPRTV LWRKNQGAGS GHWPPGALCK120
 VGDSGTC 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 55 (A) LÄNGE: 213 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

15

LVLNVGMQLQ CLPHHIAAEI SAGCEDHAAR LHQLVGELLG GRGHVGLLNW WDAVQVQGAQ 60
 DIEHEAALVI LGKPWRVDGG PHLVHDLPER TLKGRGCSGR KQELEGEAVL SSGQAPLVCQ120
 RQGTVEVTLL HYPRCVISLV GDPAGTYAGH PDGSERQRCF QAHAGPSQR LPGAVDDAAV180
 AQADLEELHS PHAAASPASR AATPPPAARE SRL 213

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- (A) LÄNGE: 635 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

40

GGVSPWRACV QQRMEESEPE RKRARTDEVP AGGSRSEAED EDDDYVPYV PLRQRRQLLL 60
 QKLLQRRRKQ AAEQQQDSG SEPRGDEDDI PLGPQSNVSL LDQHQHLKEK AEARKESAKE120
 KQLKEEEKIL ESVAEGRALM SVKEMAKGIT YDDPIKTSWT PPRYVLSMSE ERHERVRKKY180
 HILVEGDGIP PPIKSFKEMK FPAAILRGLK KKGIIHPTPI QIQGIPTILS GRDMIGIAFT240
 GSGKTLVFTL PVIMFCLEQE KRLPFSKREG PYGLIICPSR ELARQTHGIL EYYCRLLOED300
 SSPLLRALC IGGMSVKEQM ETIRHGVHMM VATPGRMLDL LQKKMVSLDI CRYLALDEAD360
 45 RMIDMGFEGD IRTIFSFKG QRQTLLFSAT MPKKIQNFAK SALVKPVTIN VGRAGAASLD420
 VIQEVYVKE EAKMVYLLEC LQKTPPPVLI FAEKKADVDA IHEYLLKGV EAVAIHGGKD480
 QEERTKAIEA FREGKDVLD ATDVASKGLD FPAIQHVINY DMPEEENYV HRIGRTGRSG540
 NTGIATTFIN KACDESVLMD LKALLLEAKQ KVPPVLQVLH CGDESMLDIG GERGCAFCGG600
 LGHRITDCPK LEAMQTKQVS NIGRKDYLAH SSMDF 635

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

55

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:

15 KPSRRRCRPCC RCCIAGMSPC WTLSESAVP SAGAWVIGSL TAPNSRLCRP SRSATSVART 60
TWPTAPWTSE PTVFPSLQEA SVPKTATSLH IQQPPGQNH FSSAGLEWAR LVLAACSLCS120
SELLFLFPFT PAAIKAQTSS PPKKKKKK 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:

40 DILLALPECL DGLSPFLLVF APMDGYGLNP LEQQVLVDGV HVCLLLCKDE YRRGCLLQAL 60
EQVHHLGLLL HIFYLLDDIQ AGSPSAPHID GHRLYKGTLS KVLNLLRHGG TEEQGLSLAL120
EVGEDGTDVT LEAHVDHAVS LVQGQVATDV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194

(A) LÄNGE: 310 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5
 EAPAAARTQS PAAAAQRGDN VYVVTEVLQT QKEVEVTRTH KREGSGRFSL PGATCLQEG 60
 QGHLSQKKTV TIPSGSTLAF RVAQLVIDSD LDVLLFPDKK QRTFQPPATG HKRSTSEGAW120
 PQLPSGLSMM RCLHNFLTDG VPAEGAFTED FQGLRAEVET ISKELELLDR ELCQLLEGL180
 EGVLRDQLAL RALEEALQGG QSLGPVEPLD GPAGAVLECL VLSSGMLVPE LAIPVVYLLG240
 10 ALTMLSETQH KLLAEALSQ TLLGPLELVG SLLEQSAPWQ ERRPCPCPPG SWGTAGAKEH300
 RFGSCWTSVA 310

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195

15 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

30 TTGIASSGTS IPEDNTRHSR TAPAGPSRGS TGPRLWPCSS ASSKARRASW SRSTPSRPSS 60
 SSWHSSLSSKS SSSLEMVSTS ARRPWKSSVN APSAGTPSVR KLWRHLIMER PEGSCGQAPS120
 LVERLWPVAG GWKVLCSFLSG KRRTSKSESI TSWATRNARV LPEGMVTVFF WLRWPWPSPC180
 35 KHVAPGRENR PEPSRLWVRV TSTSFVCVST SVTTYTLSPR CAAAAGLCVL AAAGASHGAE240
 SARC 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196

40 (A) LÄNGE: 229 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

TGHMATGLLA FLGLA...T LCPAGELPGH ARAQASGAPG SVLIA...RR RVHTCGPGPA 60
 APSTRGECPP PALGHTRPAR PRPVLLRPSC SPGARGAGTW SALLPRGTLL QEAAHQLERP120
 QQGLRLQRLR QQLVLRFTQH GQCPQQVDNR DSEFRHQHSG GQHQALQDST CWTVQGLHRP180
 KALALLQRLR QGSQGLVFPQ HPLQALQQQL AQLSVQKLQF LGDGLHLCP 229

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

25

TEILPVFVRL AGVPICSTGN ASAMLQPQKP GLSLQQQAEP CLWSGAVHSS VCLVLGLELD60
 RGGVSSPSLN SEQTLCLAPV CPGNSPGPHW EPLVF 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

45

AVPRGSLRED GKVRCMSNLL MAGSPLCPLS LALVIAELCA QCCGLAVARL FLWGARAGCG 60
 NQSSQTDVSQ AEDSFLAEVS PHLQVSGWGG -ARRGRHTPCL T 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199

50

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

15 VRHTSHLAVL TQGAPGHCSC AAWALLLRTP RAPNEGLGNC LGTLGPGTGS VLNSGKVKRP 60
 HLYPAQAQEQ GRQSCGQHPT TDTVLPAAGV RGLVSEAAW HWHCLCYRWG LLRVSIQGE120
 FQFTQPKGPV CRAALTRAQQ HSTELGKGRG ERVKD 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RMKCSQPPRC HFQSDFOKCA PCPRAQTHWL EPPGRVQTIS SMRNAQKGFA DSIRLWRLPA 60
 SGVGWVVSPP IQTQEVAPPEG MYLVGSSSGT LGGCRALTQV FLSLSSLGCV CACACACLCF120
 SLWAHQDAPR RACARVPT 138

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

VHGREARLGT LAGTAALKPA LLSGYQTFKG QDVLRRVPVA ARRPAGACPR VTAWRCWGSG 60
HLPCLCQEG EAFEEASVLA ARSLSQPLPG SCTGQGLIPC HAGPLEQVGW GWYVLSPQPW120
QPCPLGKVIS DL 132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

RLFIGCSLQN KQRWDWGPSL GPCTPLSRAY NHVHRPGRGP ALCPTKSSLH QSSWSPPLRD 60
PAQLPRSWG I GTRVPWRVQE MRRIPCTLR TPTPELWSRG HCERRQERH VEDTLTDFVG120
SGRAEDRHTK P 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203

(A) LÄNGE: 76 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

LAAIKDQLEG VQQALSQAAP IPEEDTDTEE GDDFELLDQS ELDQIESELG LTQDQEAQAQ60
QNKKSSGFLS NLLGGH 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

RVCSKHFLRL PPSQKRTQTL KKVM TLNYLT SQSWIKLRVN WDLHKTRKQK HSKIRSLQVS 60
 FQICWEAINL GISLQQSTKN TKKISNKKKK KKRKRKKLNC KL 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

ICLHHNHCLC DTQLLAFYGL IPPTARLEMA VNGACFFTNK PKSTTAEITW KRFSLSRVLK60
 YTFKFFPKKL ILIVFPKSFN 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

GKPAALEAHQ GSRLQGRSRE QAAIPPLLSS RTQLCGLGFL FAGLAPCRTL VLELEGPILP60
RGDSQGCRGI GWRRVL 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

NLRVSQLPWK PTRAPDCREE AGSRQPYLHS CPQGLSCVAL DFFLRDLRPA GHWCWSWRVL60
SCPGVTPRVA GG 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

PGMSSLQDRH GRTIWFQVGP YCSHRQRPQE ADGWKRGVTI TGVVMLRVCL DPPRTTLFLR60
VTPLPSHASQ GCS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

QRWLWTSSTS PCWIRAFLPP AGQVWPCSLG RAPAPLTTLQ LTMQLMPKLW CPVCSSPGSH 60
 CHLQRGSLLR PTLHLAPPW LLAWPNLAFC AMLELELLLF FRGGNRVESG KGLAPKCCCC120
 GFFAFSKDAL PGPKLQTAVL SKQVRS LGFG AHLLSGSISI LLLATSGQRP PQPHIARCWQ180
 KG 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210

(A) LÄNGE: 130 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

VGPGKQPWWG QVKQCGSQQG TPLKVAVAPR AAAHWTPQLW HQLHGELQSG QRGWGPAKRA 60
 RPDLPGRQE GPDPAARRSG SPQPPLLLIA TGTSGDRLCS WESRSPGFVG LPAGDRHVSH120
 RERPGSRPQL 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VTGKGRDPGL SCSSSWKRWS RTVTIHADTE QQYETEQLRA VSSSAEAAWA ATPPFCNHMP 60
MSPPHLTSRW GWMAEQMKPA LWRGSLTEMH TFMGEVDGHL TSLMFHTVDC T 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212

15

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

DVQVAGPEPD CRVHSHVLPQ QAHRLAPGPY SVGESLQPRE GCEDCDRQKA NLRIRFKPSL 60
FQHVGTSSSL AGKIQKLKDK DFGKQALRKE HVNPPAEVST SLKTYQHFTL EKAYLREDDFF120
WAFTPAAGDF IRFRFFQPLR LERFFFRSGN IEHPEDKLFN TSVEVLPFDN PQSDKEALQE180
35 GRTATLRYPR SPDGYLQIGS FYKGVAEGEV DPAFGPLEAL RLSIQTDSPV WVILSEIFLK240
KAD 243

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213

40 (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

GRTGVSVMVG IPSVRREVHS YLTDTLHSLI SELSPQEKED SVIVVLIAET DSQYTSVTE 60
 NIKALFFTEI HSGLELVIS SPHFYPDFSR LRESFGDPKE RVRWRTKQNL DYCFLMMYAQ120
 5 SKGIYYVQLE DDIVAKPNYL STMKNFALQQ PSEDWMILEF SQLGFIGKMF KSLDLSLIVE180
 FILMFYRDKP IDWLLDHILW VKVCNPEKDA KTVTGRKPTC GSASNRPSST TWALTPRWLA240
 RSRN 244

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

PAESQPADPL QTVPLPARGH SLLAGWQDPE TEGQRLWKAG AAEGACEPAS RGEHEPEDIP 60
 ALHPGESLPA RGLLLGLHPC RGGLHPLPLL PTSKTGAVLL PQWEHRAPGG QALQHVCGGA120
 30 ALRQPSVRQG GPAGGPHRHP PVPSEPRRLP PDRLLLQSGS RGRGGPSLRP SGSTAPLDPD180
 GLPCVGDSE DLPEKGRLLSC GLLRVPCGQP 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215

35

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

GGAGLVHGSA DWPC LAPWRV SSCFLPGTEL RGLGAPGAKS RLWCRGGGLS LNRHPEVLLR 60
 CWWHPPEWHGE QLWPVLLPRP VLGKLSSGPS LQRPRMGWVW GTHGEWPEEL RVKRAPVCWL120
 QRP GAPLS 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

FPQDWPRKEH RPQLLPVPLR VDPASQEHLR VSVKRQASTP APEPALSSRC PQTPQLCARQ 60
 EAARHTPGRQ ARPVRGPMDK PSPASGKTGP FPTGHAPELW QIAGAIVWGE FNKSPFENEK120
 KKKK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217

(A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

VPHTHPILGL CKEGPELSFP RTGLGRSTGH SCSPCHSGWT QHLRSTSGCR LRDRPPPLHQ 60
 SLLAPGAPR PRSSVPGKKQ LDTRQGAKHG QSADPWTSPA PPQKGQGLSL QDTPQSCGRL120
 QEPSCGENLI KALLMKKKK KK 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218

(A) LÄNGE: 379 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

RRGLEGFNGG WTEPGILWM EPTQPPDFAL AYRPSFPEDR EPQIPYPEPT WPPPLSAPRV 60
 PYHSSVLSVT RPVVVSATHP TLPSAHQPPV IPATHPALSR DHQIPVIAAN YPDLPSAYQP120
 GILSVSHSAQ PPAHQPPMIS TKYPELFPAH QSPMFPDTRV AGTQTTTHLP GIPPNHAPLV180
 15 TTLGAQRPPQ APDALVLRTO ATQLPIIPTA QPSLTTSRS PVSPAQISV PAATQPAALP240
 TLLPSQSPTN QTSPISPTHF HSKAPQIPRE DGPSPKLALW LPSPAPTAAP TALGEAGLAE300
 HSQRDDRLL VALLVPTCVF LVVLLALGIV YCTRCGPHAP NKRITDCYRW VIHAGSKSPT360
 EPMPPRGS LT GVQTCRTSV 379

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

VDTDECQIAG VCQQMCVNYV GGFECYCSEG HELEADGISC SPAGAMGAQG SQDLGDELDD 60
 40 DGEDEEDEDE AWKASTVAGR RCLGSCGWSL RSRLTLWPPI DRASQRTESH RYPTRSPPGH120
 PRSVPPGSPT TPQCSPSPGL WWSLPRIPHC LLPTSLL 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220

45

(A) LÄNGE: 211 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

```

PPPPGPLCLL PIKSLCLLPP SPQSPSPSCP LRAPLTRPHP SALHIPKPK PKSQGKMAPV 60
PSWPCGCPHQ LPQQPQQPWG RLVLPTARG MTGGCWWHSW CQRVSFWWSC LHWASCTAPA120
VAPMHPTSAS LTAIAGSSML GARAQQNPCP PGAASQGCRP AEPACDGVQT PLMEYGALDT180
WPGLHQGPMG AAQLDRWLPA PQAQPGSSLN H 211

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

```

LGEPQISGAQ PGRVWGQLCQ STSQAHPPLG MPWDHGQGRL WGSETPLLST PSQNTLRVSG 60
LWREWGGRKN WHPREGDER FALILREASE KCFKVCVMRQ AVSGGGLSSP LPPSFPAK 117

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

```

NKESSLKSS DVVMTHTESC ITVASRATHL FGLSDGHSFT TQQTPHTGT RMSASTWEAV 60
AEPGRWPGPD HGLSGAGHQG VRVPMPLPQGV GMTGRSLVTR QWTSLGEGWR ERAGQAPAAH120

```


RLAHANTLKA LLGGFSENQG EALVSFPRKV PILPPAPLSP EPRDPQGVLA GGAKQRCLRP180
 PEPSLPMIPR HARQGVGL 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

SHGMPGRGWA CEVDWHSCPH TLPGWAPFIW GSPSQHGVLG ACPGPFTRTE APHPLSHFSR60
 WKTQRRKR PW GGVPSCQLA PWVPLCGGSP DSISSASE 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

ATRRRAAEAG MAAVLQVER LSNRVVRVLG CNPGPMTLQG TNTYLVTGTP RRILIDTGEP 60
 AIPEYISCLK QALTEFNDAI QEIVVTHWHR DHSGGIGDIC KSINNDTTYC IKKLPRNPQR120
 EEIIGNGEQQ YVYLKDGDI KTEGATLRVL YTPGHTDDHM ALLLEENAI FSGDCILGEG180
 TTVFEDLYDY MNSLKELLKI KADIIYPGHG PVIHNAEAKI QQYISHRNIR EQQILTLFRE240
 NFEKSFTVME LVKIIYKNTF ENLHEMAKHN LLLHLKKLEK ECKIFSNTDP DKKWKAHL 298

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

15 GFSWGRSPLG RCWCLGGSWD PGYSPTHARL DWTAARRAAV QQPFPPQPPA GVSPIWIL 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

35 SGSLSLNHIS IFQINILLLS ISYNFFSLRI PWEFFNAIGS VIIDAFTNIS YASRMISVPV60
SHYNFLDCCV KFS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227

(A) LÄNGE: 141 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

5 AFLLRPSVTA STRLLPVCAS PRSSPGPSPA QQQQAWQQAW SSARAPSRRCR ARPSSSERPC 60
PAVGRLASLY CCCMVVFASPP RPGRTWVHCT GWPRLATGLW PLTCQVWGTP RKQQPLPLLG120
SWPLAASWRL WWMPWSWAPR L 141

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

VPPPALGHRQ HAPASRLRES TQLPRPFTST AAAGMAASVE QREGTIQVQG QALFFREALP 60
GSGQARFSVL LLHGIRFSSE TWQNLGTLHR LAQAGYRAVA IDLPGLGHSK EAAAPAPIGE120
30 LAPGSFLAAV VDALELGPPV VISPSLSGMY SLPFLTAPGS QLPGFVPVAP ICTDKINAAN180
YASVKTPALI VYGDQDPMGQ TSFEHLKQLP NHRVLIMKGA GHPCYLDKPE EWHTGLLDFL240
QGLQ 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229

(A) LÄNGE: 144 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

WTDHNRGAQL QGIHHSRQEA ARGQLPNRGR GCCFLGVPQT WQVNGHSPVA SLGQFVQCTQ 60
VLPGLGGEAN TMQQQYREAS LPTAQQLSE EEGLALHLDG ALALLHACCH ACCCCAGEGP120
GELRGLAQTG SRRVLAVTEG RRRN 144

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230

- (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

LEFFIPCLGS VNEACLFPGV SFHGLYFSSS SGSFAGSSLW KLHERWLGLG FAGVYSRVKA 60
 EWDLRPRLGT TQAEKGRFHH SQCPPHSTTS ARAPPSLLPH PAIVRGATVG RRVPRRGLFL120
 LPVPEKAFPL LKFKH 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

GGPVCWEPQV TPFSSYSVPG ASCPPLQILG KENVYVAGYC MVTSEGRPLG THLPTAAQAR60
 AQAHLLVLRP QIKPSPHHMA SDRFLPSRK F CGCAVL 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

CCGEGTVNDG NVPSQPGSCL TWVSNPTLPS PWSTLQRSRG PANAREVSTE KSLQNSHWKR60
RNKGHGKKPQ GRDRPRSQTL GRE 83

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233

(A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASPASLAQAT SRQPAPSPRA RSHLATSTSW TSSARSDAGC GECRRDPGAP PR 52

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

LGSAAWQQLRR PEASET V GTHRPRQRAL PRQRVASPPP RRGLG
MPGVVSAAGT QVRRRLDEVPA SLRLQHHLQL REGL

P VRLGQVVPGL60
94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

ARPSRSWRWC CSRSDAGTSS RRRTWVPAAL TTPGIRPGTT CPRRTGGEVR PSPRRGGGLA60
TRCLGKARWR GLCVPTSRRV SDASGRRSCC QAEPR 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236

- (A) LÄNGE: 174 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

APTNRSSSK FATSGSPGYP IASSGASPEV RQRRTTFFRF RPGESLCGDM KLLTHNLLSS 60
HVRGVGSRGF PLRLQATEVR ICPVEFNPNE VARMIPKVEW SAFLEAADNL RLIQVPKGPV120
EGYEENEEFL RTMHLLLEEV EVIEGTLQCP ESGRMFPISR GIPNMILLSEE ETES 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237

- (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

```
YRAQKHCVWC HWVKGWGYTR QNSETGYRST KIHSHNKKNW RLAQSTLSFL FTQQHVGDPA 60
ADGEHTSRFR ALQGALYHFH LQQQVVHGPQ KLLILLISLN RPFRLDQTO VIGRLQERRP120
LHFRYHTRHE VGVEFHRADT DLGGLEAQGE ATGPHPPHMR AQQIVGKQFH VAAQTLARPE180
PEKGRPPLPH FRGCSTRCYW IARRTGSGEL AGTSRVCGSS FLYAN 225
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238

(A) LÄNGE: 209 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

```
TFNEKKIYNT ELKNTVFGVI GSRVGDTHGR IRKQGIDQQK YTVITRKTGA WHNQLSVSSS 60
LSSMLGIPRL MGNIRPDSGH CRVPSITSTS SSRWCMVLRN SSFSSYPSTG PFGTWIRRK120
SAASRNADHS TLGIIRATKL GLNSTGQIRT SVAWRRRGKP RDPTPTCEL SRLWVSSFMS180
PHKLSPGRNR KKVVLRLCLTS GDAPLDAIG 209
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239

(A) LÄNGE: 146 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

INAFSHRNAK ININPPDAVA AALRPKSQRP RLTIKVFSE SVGVSVNGCA LGGTVERCAK 60
SELQTIGQGH GVATRRRLSA GAPRTHSQQ SSHWHEELKNK HLQGRGKRPR SRRSRARASA120
ARGAPTGSQR GGSPKRARSG RSRVLA 146

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240

(A) LÄNGE: 134 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

SRTFSFLSFL HCANILTLEFV SFQEPHRHIQ VKRSLNKCLQ PSQCKNKYQS SRRSSSRAAP 60
KVPTATPNNY KSVQRECWRE CEWVCAGGHG GAVCKIGVAN HRTRAWSGYP PPTQRGRASP120
HTLTAEFALG RVKK 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241

(A) LÄNGE: 147 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

PARTDRPLL ARFGLPPRCE PVGAPLAALA LARERRERGR FPRPCKCLFF NSSQCELCCE 60
CVRGGAPALS RRRVATPCPC PMVCNSDFAH RSTVPPSAHP FTLTPTLSLN TFIIVRRGRW120
DFGRSAAATA SGGLIFIFAL RWLKAFI 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242

- (A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PVLCRGNSSGS LSRKFPPKPQ KPADKDHPR T CVYLENRSPG KSDLSATPGR SGLESGYQNL60
 LRQHQP HGRC PTWPGSRWKV PRRFPGYG 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

QDGCPSD GDF AALQSLLKAS SKDVVRQLCQ ESFSSSALGL KKLLDVTCS LSVTQEEAEE 60
 LLQALHRLTR LVAFRDLSSA EAILALFPEN FHQNLKNLLT KIILEHVSTW RTEAQANQIS120
 LPRLVDLDWR VDIKTSSDSI SRMAVAPPGL VPDGRFQGGG QAMG 164

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

10

FAWASVLQVD TCSRMIFVSR FLRFWWKFSG KRARIASAED RSRNATSLVR RCRAWSSSSA60
SSWVTDKLEH VTSKSFFKPR AELEKLS 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

15

(A) LÄNGE: 268 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245

30

DGPGGPTAHP HRCAPPGVC PGQAPAHLLL CAAAPGHGQ GQOPAAGGLV GDADRAGDLE 60
CSPRRIFLHP RLHPPRHLGS CHLDRGCGCA GWSCCLHLRE TGWYILGPAE DSASAGSFLH120
SHRCPQMLE 129

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246

(A) LÄNGE: 269 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

ASPSNSQPTS PASAPALPPP ARRSRGAQTV SLTMGTADSD EMAPEAPQHT HIDVHIHQES 60
 ALAKLLLTCC SALRPRATQA RGSSRLLVAS WVMQIVLGIL SAVLGGFFYI RDYTLLVTSG120
 AAIWTGAVAV LAGAAAFIYE KRGGTYWALL RTLLALAAFS TAIAALKLWN EDFRYGYSYY180
 5 NSACRISSSS DWNTPAPTQS PEEVRRRLHLC TSFMDMLKAL FRTLQAMLLG VWILLLLASL240
 APLWLYCWRM FPTKGKRDQK EMLEVSGI 268

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247

- 10 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

25 DCTQDPQHDL HHPRGHQQPA AAPGLGGPGP QRRAGEQEL GQGRLLVDVH IDVGVLWGLR 60
 GHLITVGCSS CQGHSLRSSG PASGRREGWG AGWRSGLRVG GGG 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248

- 30 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

45 GSRRRDGGGA GAAPVAPRAL GRRARAGRCS EDEGGGGAQR WGEQPVLAS GQSPPGQEGS60
 FTRVWTRASL PTLGQVLQPG GVHVQV 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249

(A) LÄNGE: 154 Aminosäuren

- (B) TYP: Prot
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

ARGGAMAAGL ARLLLLLGLS AGGPAPAGAA KMKVVEEPNA FGVNNPFLPQ ASRLQAKRDP 60
 SPVSGPVHLF RLSGKCFSLV ESTYKYEFCP FHNVTQHEQT FRWNAYSGIL GIWHEWEIAN120
 NTFTGMWMRD GDDCRSRSRQ SKVELACASP SNCV 154

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

PLDAVARART RQLHLALPAP GTAVVTVPHP HAREGVVGD L PLVPDAEDPT VGVPAEGLLV60
 LGHVVERAEL ILVRGLHQAE ALARESEEMH GSRHG 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

5 KVTDGHTRTP RSGVPRQHEA GSPGLTASHA MSIHLAGSLT AMDSICASER SQGVWRAPTP 60
GCQGLSPGPR PGELPGGSSP EERLGRLAVA GPPRGAQNVS QAGPEAEAPP LRFGHAWGAQ120
10 TPRLGAPGPW TPLPTLPISHI PPFWSQTPAQ RKEGFTEEGQ GRAWPQGGDE DISGPGSCRL180
LWEEPCVCK LLGLAARPTA GPSLDPCTWP SSCPLAAPGL GTGIEPRGLG WLGQGRDREG240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252

15 (A) LÄNGE: 216 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

30 GLVMPGELRR PGLGPQAHGL PSPLCPPIFP LFGPRHQHKE RRGSRKARA EPGPREGMRT 60
FPVQVAAGCS GRKSHASVNC WGWRPAPLQG PALTPARGHP AALWLPLALA QASSLEGWAG120
WARAGTGRGS TSDPDVGWLC PPRREAQOTS YTKAKSTIGE PRSHFMGRRP RPQGPQSKAR180
35 GRFIPEDSPP GAAPAWGGVS RPLGCLSVCG TPWSTP 216

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253

40 (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

10 VLRRLYIYIL YITNMKWFST QPLWLNTKQR SHRRGPGPPP APLSGVLGSR GLPHHPSQGW 60
GRAGPRAGAN VAWNSNCIVR WVGQWARGC SQPGPFTTNL AMTCGGPWGS GCLLGSTLSE120
VSPWAPPSCP QGHPVLPTRL WAWGLQDPLC RVRVGAGHGS RHQPDAPVGV ARSWDGVVRN180
TAPKTQNKNT TNGRRSPPT EVGFEPLLI FVSFLQPW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 254

15

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

RDGGGAGAAP VAPRALGRRR RAGRCSEDEG GGGAQRVVVS SLAGWRLERG TARARSPLTL60
PLPVGGTTRS CLRPVASRP 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 255

35

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

LGLEATGLRQ ERVVPPTGSG KVSGERARAV PRSSRQPARL LTQTRWAPPP PSSSLHLPAR60
ARRPRARGAT GAAPAPPPS 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 256

- (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

WPGGDWPEAR TGCSTYGKRQ GQRGTGPGRP PLEPPAREAA HPNALGSSTT FIFAAPAGAG60
 PPAESPRSNR SRASPAIA 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 257

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

GHLGGPTGSV CSRILLASSP FYMNCCINKH RVPETTEVII LPTECWPGQA W 51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 258

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

10 GGGFLGQIDK SKDNISLTV IQLHSYTVAL FGLSHEEVLV TNYVFGCF 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 259

15 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

30 AFTRNTTNKV SDMLANQARL RSLRRPNWLC LLKDSSGLVS ILHELLHK 48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 260

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

50 PGISVSVDKM ESSPFNRRQW TSLSLRVTA ELVLNKNKS SAIVEIFSKY QKAAEETNME 60
KKRSNTENLS QHFRKGLTV LKKKWENPGL GAESHTDSL NSSTEIRHRA DHPPAEVTSH120

AASGAKADQE EQIHPRSLR SPPEALVQGR YPHIKDGEDL KDHSTESKMM ENCLGESRH 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 261

- 5 (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

QATLLLEPKL TKKNKSTPDL DSGHLLKPSF RVDIPTSRTV RILKTTQQKV KKWKIV 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 262

- 25 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

40 DSAPSPGFSH FFFNTVRVPF LKCWERFSVL LLFFSMFVSS AAFWYLENIS TIADDLFLLT60
 RESSLAVTLN DSEVHCRLN GDDSI LSTDT EIPG 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 263

- 45 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

VMSDPADKAA RADSARAARG KRKKNVEENM AYSALMEVAG YCLIERMLWN PMLKIKSVWL60
CSYAVMVIPR QLAKV 75

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 264

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

AMFSSTFFFL LPRAARAESA RAALSAGSLI TYAFYKRLPK KKLLTRNVDK PLKANKQQTIV60
VFAFSYSWQA EVRA 74

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 265

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

DSKAFSLLSS NQPLPSKLSR PCFPPHFFFF YLEPLEPNRL EPPCLLDHSS PTHFIKGYPK60
RNC 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 266

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

RRGSGSRSSM APVLASMLWM STRGTAMTST SLCTSRARSR PMPSSSSPTP TAWRCCCATR60
TRVSTSTRTG ASLRMWCCSG GRCLLLWPTS APTR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 267

- (A) LÄNGE: 254 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

GDRKPLYHYG RGMNPAKPA WAREVKERTR MNKQONSPLA KSKPGSTGPE PPSPQASPGP 60
PGLPWAPKPY HKFMAFKSFA DLPHRPLLVD LTVEEGQRLK VIYGSSAGFH AVDVDGNSY120
DIYIPVHIQS QITPHAIIFL PNTDGMEMLL CYEDEGVYVN TYGRIIKDVV LQWGEMPTSV180
AYICSNQIMG WGEKAIEIRS VETGHLDGVF MHKRAQRLKF LCERNQKVFF ASVRSGGSSQ240
VYFMTLNRNC IMNW 254

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 268

- (A) LÄNGE: 231 Aminosäuren
(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

15 GKKHLVIPLT QELEPLSSFV HEDPVEVARL HRADLNGFLT PAHYLVGADV GHRSRHLPL 60
QHHILNDAPV RVDVDTLVLV AQQHLHAVGV GEEDDGMGRD LALDVHRDVD VIAVPRVDIH120
SMEASTGAID DLEPLPLLYC QVDQQRAGE VGKGLEGHEF VVGFGGPGEA WGPWGGLGAG180
GLRPRAAWLA LGQGRVLLL HPCSLFYLSG PGWVSGIHA PTIMVQGLPV P 231

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 269

(A) LÄNGE: 454 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

35 GAGCTSPGLW ARKAAARCLP TYPSTRAQPSN VGRRRRRRPG LGALAAGVPA MAESVERLQQ 60
RVQELERELA QERSLQVPRS GDGGGGRVRI EKMSSEVVDS NPYSRLMALK RMGIVSDYEK120
40 IRTFAVAIVG VGGVGSVTAE MLTRCGIGKL LLFDYDKVEL ANMNRLFFQP HQAGLSKVQA180
AEHTLRNINP DVLFEVHNYN ITTVENFQHF MDRISNGGLE EGKPVDLVLS CVDNFEARMT240
INTACNELGQ TWMESESVSEN AVSGHIQLII PGESACFACA PPLVVAANID EKTILKREGVC300
AASLPTTMGV VAGILVQNVL KFLNFGTVS FYLGYNAMQD FFPTMSMKPN PQCDNRNCRK360
QEEYKKKVA ALPKQEVIE EEEIHHEDNE WGIELVSEVS EEELKNFSGP VPDLPPEGITV420
45 AYTIKKQED SVTELTVEDS GESLEDLMK MKNM 454

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 270

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

KLTVPKFNRRN FNTFCTKIPA TTPIVVGRLLA AQTPSRFRVF SSIFAATTSG GAHAKQADSP 60
GIISCICPET AFSLTPDSIH VCPSSLQAVF IVIRASKLST QLRTRSTGFP SSNPPLLILS120
MKC 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 271

(A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

CSSEYVLLLE LYLILLDEVG RKVYSYWLVP PCHNQRVATY QCHILSAFQQ SHYLLHQHLL 60
LLRQRYGFSH SRLQFFVSM PSSGCRDSNP PPLSSSSRCG PGRPLRRRSS GPADSSPGQV120
PAPAPGPAAA GAPQTPFWLG LRPPTLPARA FAAAFAPRCS AGPARGTWGG TSPLPS 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 272

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

EARQAWTGAK GAGSLTFSSL QSGHLASGSQ SPESTKAPGT PPTPSYPGTP SRQLLWQWVQ 60
 PRPALPASSP CSRHQLYLPR QAMSWLLSPA PSVPLDFSGA SPVWATLCFP HPRLPHR 117

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 273

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

APALPPPAGN VLASQPSTIC SPRLLRGQPS LGHPLFPSSS APTQVTDPAD SFSLGKVGCC60
 LTSPSSPPPI HTHRHPPTPG RLVSHM 86

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 274

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

EARTLPAGGG RAGAYCRERR LAVLAWAGPT AITVAYLGSL GRMEWVGCQG LWCFLVIGTL 60
 MPSAHFAKKK KLMTLLPWLL SMLAWPPRVG GTSPLLAEAG EQVLSYDPIH QAGVLSPSGH120
 HSSQHQGPVG LGQGSEKGWQ EVPRSSQPGR GTNALNTSKL RDPKVSTPGS GLPPHRH 177

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 275

50

(A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

15 QFPGPSVPEQ STSVSVTTSC LFPSLHLLQF IYMLLLLVHF CLPYQAVNEG RNLVCFIHHH60
VPSAWHIVGL H 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 276

(A) LÄNGE: 102 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

35 FFFFFFFFFF FFFCLINMSI YLAPDGNTKS WQWEWKGSLS QILPYYVDPK AGLGSKAHKP 60
PKQIFIEHLD YYRPSILLGT MGDVKEVISH MICLQAKNA SG 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 277

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

GVIESRRVLS RGVIRFIFKQ PNPGRCGPIL SALKKIPFPY LPASIMSVEE SNCGSFEGDG60
PFFFPV 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 278

(A) LÄNGE: 65 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

FFFFFFFFF FFLFNKYEHL FGTRWQYKIL AVGVERFSLS NTSILCRPKG RTWQQGSQTT60
QTNIY 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 279

(A) LÄNGE: 489 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LADSEFPGSSP YEGYNYGSFE NVSGSTDGLV DSAGTGDLSG GYQGRSFEPV GTRPRVDSMS 60
SVEEDDYDTL TDIDSDKNVI RTKQYLYVAD LARKDKRVLK KKYQIYFWNI ATIADVYALP120
VVQLVITYQT VVNVTGNQDI CYYNFLCAHP LGNLSAFNNI LSNLGYILLG LLFLLIILQR180
EINHNRALLR NDLCALECGI PKHFGLFYAM GTALMMEGLL SACDHVCPNY TNFQFDTFSM240
YMIAGLCMLK LYQKRHPDIN ASAYSAYACL AIVIFFSVLG VVFGKGNTAF WIVFSIIHII300
ATLLLSTQLY YMGRWKLDG IFRRLHVLY TDCIRQCSGP LYVDRMVLV MGNVINWSLA360
AYGLIMRPND FASYLLAIGI CNLLLYFAFY IIMKLRSGER IKLIPLLCIV CTSVWVGFA420

FFFFQGLSTW QKTPAESREH NRDCILLDFD DDHDIWHFSL SIAMFGSFLV LLTLDDDLDT480
VQRDKIYVF 489

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 280

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

APLCHRPVTL SCCGDESQHR CPALDGSRTA RSSLGAWDS HGVAWNLAAA LCRGAGLLPW 60
DPQMLAKLLL SSQCWGLPWA PVLWLSICPF ARGMEGTPS PFHALHFARP PPHNAPAWDL120
RPLFPPIPL QGLVWGLNLC PVSQPQFSLG CPWLPSLPIP VSQDGWGYEI LGVGQLVPDF180
WC 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 281

- (A) LÄNGE: 536 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

ARPGCPAAIQ CWAAYLGLIP TARQSDRSMT QRSSGPLEVK RRAQLLLEDI DLVPLHSIQV 60
VIQCQQHQEG PEHGDGGEEV PDVVVVKEVE EDAVPVVLPR LCRGFLPGAE SLEEEERE120
PDHGGANDAE QGDELDPLPT PELHDDVEGE VKEQVADANG QQVGSEIIGA HDKPIGSQRP180
VDDVAHQDQH HAVHVERPAA LPDAVCVEHV EDAAEDPRVQ FPPAHVIELR AEEQGGDDVN240
DGEDDPERRV PFAKDHAQHR EEDDNGQAGV GTVGAGVDVR VPLLVELQHA ESGDHVHERC300
VKLEIGIVGA HMIASTEQPL HHQGCAGHVE KPKVFGDPTF QGTEVIAQQG PVVVDLPLQD360
DEQEKQPQD VPQVAEDVVE GAEIAQWVGA EEVVVADVLI PCDIHHRLVG DHQLHHRKGI420
EDSNGGNVPE VDLVLFPPQNT LVLPCQVSHI EVLLGANDIL VGIDVGQCVV VILLHRAHGV480
HSGPSTYRFK GAALVTREV PSASAVNQTI GRSRNILKGA IVVTLIRGTA RKRISQ 536

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 282

(A) LÄNGE: 551 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

```

PLSSPSCCRY RRCRRRLRPP LRSVVQPGPR TMSLSRSEEM HRLTENVYKT IMEQFNPSLR 60
NFIAMGKNYE KALAGVTYAA KGYFDALVKM GELASESQGS KELGDVLFQM AEVHRQIQNQ120
LEEMLKSFHN ELLTQLEQKV ELDSRYLSAA LKKYQTEQRS KGDALDKCQA ELKKLRKKSQ180
GSKNPQKYSD KELQYIDAIK NKQGELENYV SDGYKTALTE ERRRFCFLVE KQCAVAKNSA240
AYHSGKGKELL AQKLPLWQQA CADPSKIPER AVQLMQQVAS NGATLPSALS ASKSNLVISD300
PIPGAAPLPV PPELAPFVGR MSAQESTPIM NGVTGPDGED YSPWADRKAQ QPKSLSPQS360
QSKLSDSYSN TLPVRKSVTP KNSYATTENK TLPRSSSMAA GLERNGRMRV KAIFSHAAGD420
NSTLLSFKEG DLITLLVPEA RDGWHYGESE KTKMRGWFPF SYTRVLDSQG SDR LHMSLQQ480
GKSSSTGNLL DKDDLAIPPP DYGAASRAFP AQTASGFKQR PYSVAVPAFS QGLDDYGARS540
MSSADVEVAR F 551

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 283

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

```

AGEAAGQPGS PPSHQIAKCP PLTQGYPR LH GHVTRGVYPQ EAAPQPWAAQ PLGLALQGPA 60
PHSARPCLEQ LGSSPGQTQV GQDQAAGAWM FSTQERTDDD RTGYMGRAGE ATRWAALQMW120
PSAEEGGRPV VGHCRLLQDV GKGILTLVRR LRIWPLPHRR CSWTALHSHF GPGRRRRAPH180
CRASA 185

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 284

(A) LÄNGE: 518 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

SGGSESGHFH IGAAHGPRSI VIQALGEGGH GHTVGPLLEA AGRLGGEPPG GGAVIGGWDG 60
 QVVLVQEVAR AAALPLLQAH VQPVTIAVQ DPGVGEGKPA PHLGLLTLSV VPAIAGLRHQ120
 QGNEVTLLLEA QEGAVVPSSV GEDGLHPHTA IALQAGCHGA RARQSLVLGG GIAVFWGHAL180
 AHGECVGVGV AELALRLRRR QGFGLGSLAV SPRAVVLAIR ACDVHDGCA LLGRHPPHER240
 CQLGHRQGL GPRNGVNDQ VGLGGRQAG EGGAVAGHLL HELHRALRDL AGVGTGLLPQ300
 RQLLRQQLLA LGVVGRGVLG HGALLLHQA EAPALLCQCG LVAVGHVILQ LALLVADGVD360
 VLQLLVRLVLL RILAALALLP KLLQLSLTLV QGVAFAPLLS LVFLQRSTQI PGVQLHLLQ420
 LRKQLVVKRL QHFFQLILD L PVD FSHLEEN VSEFFGALAL AGQLPHLHQG VKVAFGCIRH480
 TCQCLLVILP HGDEVPEARV ELLHDGLIDI FREPVHLL 518

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 285

(A) LÄNGE: 217 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

VREAARREQR YQEQGGEASP QRTWEQQQEV VSRNRNEQES AVHPREIFKQ KERAMSTTSI 60
 SSPQPGKLRS PFLQKQLTQP ETHFGREPAA AISRPRADLP AEEPAPSTPP CLVQAEAAV120
 YEPPPEQETF YEQPPLVQQQ GAGSEHIDHH IQQGLSGQG LCARALYDYQ AADDTEISFD180
 PENLITGIEV IDEGWWRGYD PDGHFGMFPA NYVELIE 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 286

- (A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

AGASGRLWLP SAFICLFSFS LASKGWWPPL FRMTLGNSER RELFLAEFVT KVRVDHGGLA 60
 AGNLSWWSLL CAPHSLSLSL CLGYGKWGCR WPSSHGPGYSK TADTTCSSTR LTRCLQAPVC120
 ASTDSDFRKS NTEWPWPVVF PYFLSQLIRV SEEQICFWTK KK 162

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 287

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

LLACRGWPGR RWHEELNSGK VMYAFCRVKD PNSGLPKFVL INWTGEGVND VRKGACASHV 60
 STMASFLKGA HVTINARAE E DVEPECIMEK VAKASGANYS FHKESGRFQD VGPQAPVGSV120
 YQKTNAVSEI KRVGKDSFWA KAEKEEENRR LEEKRRAEEA QRQWSRSAGS VSA 173

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 288

- (A) LÄNGE: 567 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

10 EKCGQYIQKG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDFKLY RGKSDENEDP SVVGFEFGSF 60
RIYPLPDDPS VPAPPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITLGK120
KVIEDRDHYI PNTLNPVFGR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTFTRDEKV GETIIDLENR180
FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILSED GSRIYGGRD240
YSLDEFEANK ILHQHLGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQKGLQMWV300
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKKYLRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360
15 EENKQKTDVH YRSLDGEENF NWRVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420
IQIWDNDKFS LDDYLGFELE DLRHTIIPAK SPEKCRDMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480
SMKGWWPCYA EKDGARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540
SFLWFTNPCK TMKFIVWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 289

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

40 DQHSCFKMSP DSKASHNPSF PKMGVESDME DETTAWMNLK PTKSCTSTSG PLKSGLLFTS 60
SGLRGWSLST WKQGLCTAPS SPTFPRENFR CGWMFSPRVW GHQALLSTSH PGKPRNTTCV120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 290

(A) LÄNGE: 289 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

5 ETQVVIQRKL VIVPYLNDQP GWDSKFRLVN TPEMLFFRND TELFGWKVVK RENKSPVKIP 60
 FTIQRSVMDI CFLFVFFIAR NPAFDVDVTH FLSCDAFLVQ DNVLGVPDDH TQVVFLGFPG120
 CDVERRAWWP QTLGENIHPH LKFSLGNVGL EGAVQSPCFH VLRDQPLSPE DVKSKPLFRG180
 PEVLVQDFVG FKFIQAVVSS SISDSTPIFG KDGLWEAFES GDILKQLCWS QLISPGIDSR240
 10 NTVLLWYAAV GPKAGKESVF QINNCFSYFF IPGKGVIIID RNFQVFFLR 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 291

(A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 15 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

30 GTGDGSKEIN IVWGIQVPIF HNGPWVSTNH PVARFPRIITS LASEGIIVPS TSTIRGMGVW 60
 RASCGDCRAD STSSIAQDRG PGLTIGHQAL GSLVWVGESW GQTWGEYLGG PRWLGWLDLR120
 QSWALSISEE VVKKRDFLFH FLNFLCMLVE DMFAHKLRTL EFLATERTQP LILAQFLRVG180
 GDELLHFLW VFAPHLGLF L 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 292

35 (A) LÄNGE: 171 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

50 SVIFFKIGFC EGRLVGRGGV PGSEAQSCVL SSSVWISLAA SLMSLRITICL CWVMPLMLRT 60
 RRVRSIFTPG LSSHRRRMF CRFQQISLML TLRSKVTQPR RKNLLSGWGS ESATRIKPGY120
 LLQREMISAR EMLGAMLRMK REQVLCSGRG LHSSPAASLG FSHSSSLGFS F 171

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 293

- (A) LÄNGE: 485 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

EKEKPKEE EW EKPKDAAGLE CKPRPLHKTCLFLMRNIAPN ISRAEIISLC KRYPGFMRVA 60
 LSEPQPERRF FRRGWVTFDR SVNKEICWN LQNI RLRECE LSPGVNRDLT RRVNRINGIT120
 QHKQIVRNDI KLAAKLIHTL DDRTQLWASE PGTPPLPTSL PSQNPILKNI TDYLIEEVSA180
 EEEELLGSSG GAPPEEPPKE GNP AEINVER DEKLIKVL DK LLLYLRI VHS LDYYNTCEYP240
 NEDEMPNRCG IIHVRGPMPP NRISHGEVLE WQKTFEEKLT PLLSVRESLS EEEAQKMGRK300
 DPEQEVEKFV TSNTQELGKD KWLCP LSGKK FKGPEFVRKH IFNKHAEKIE EVKKEVAFFN360
 NFLTDAKRPA LPEIKPAQPP GPAQILPPGL TPGLPYPHQT PQGLMPYGQP RPPILGYGAG420
 AVRPAVPTGG PPYPHAPYGA GRGNYDAFRG QGGYPGKPRN RMVRGDPRAI VEYRDL DAPD480
 DVDF 485

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 294

- (A) LÄNGE: 368 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

ESSGFQAIGR AEDDARSCWV KTSESTRPYQ LLRRRRPTLI TYRIFRHHRRH KDTSSGDHLT 60
 CRLDPQAKDL KDG TQEEATK RQEAPVDPRP EGD PQR TVIS WRGAVIEPEQ GTELPSRRAE120
 VPTKPPLPPA RTQGT PVHLN YRQKGVIDVF LHAWKGYRKF AWGHDELKPV SRSFSEWFGL180
 GLTLIDALDT MWILGLRKEF EEARKWVSKK LHF EKDVDVN LFESTIRILG GLLSAYHLSG240
 DSLFLRKAED FGNRLMPAFR TPSKIPYSDV NIGTGVAHPP RWTSDSTVAE VTSIQLEFRE300
 LSRLTGDKKF QEAVEKVTQH IHGLSGKKDG LVPMFINTHS GPVSPTWGVF HGGAPGADSL360
 LLSYLFER 368

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 295

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

ALRSPPRMRI VLSNRLTSTS FSKCNFFDTH FLASSNSFLR PKIHMVSSAS ISVRPRPNHS60
 LKDLDTGFSS SWPHANLRYF FHACRKTSIT PFWR 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 296

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

LLRHPLPGFL KFFPQTQDPH GVQRVDQCET EAKPLTEGPG HRLQLVMAPC KLAVSFPCMQ60
 EDVNHALLAI VQMHWCALCP GRWQGRLLGGH FCSS 94

(2) INFORMATION ÜBER-SEQ-ID NO 297

- (A) LÄNGE: 146 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

10

SGPLLAGPAT LTGRMSEVRL PPLRALDDFV LGSARLAAPD PCDFQRWCHR VINNLLYYQT 60
NYLLCFGIGL ALAGYVRPLH TLLSALVVAV ALGVLVWAAE TRALCAAAAA ATLPAPWPQC120
LPSASWCSGS RAALAPSCSA SPGRCF 146

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 298

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

35

TQRHSHPPFS MLIPKLGPGA RHSQILNPGP KLFQTPPYLP TQVKTLPNLE LRTQVFHAPV 60
WMESGILTVG PLVQVIPTLT SPICLPPALL RHFAPHPNVP HHRQPRGEVG TGLSREWGVI120
VSVAATIKPV ASLMPKKKKK STGRKYSSSS RP 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 299

40

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

5 RTTTTTIFAA GRLFFFFWHE RCNRLYCCSN TNIYAPFP AE ACPHLTPWLS MVWNIGVRGK 60
 MPKQSWREAN GTGEGRDHLD QGSNSQDTRL HPHRGMEHLG SEFKIWQCLD LGWKVGWGLE120
 KLWSRVQDLR VPCSRPQFGD EHGE GWMGVS LGSQFEIGHG C SGLKPQFWG WM 172

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 300

- 10 (A) LÄNGE: 178 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

25 WFWRESYWQT IKVDLQVEHP YQFL LKYAKQ LKGDKNKIQK LVQMAWTFVN DSLCTTSLQ 60
 WEPEIIAVAV MYLAGRLCKF EIQEWTSKPM YRRWWEQFVQ DVPVDVLEDI CHQILDLYSQ120
 GKQQMPHHTP HQLQQPPSPE PPTPLPGPCG CWASHLKEGK VVQPEPVEQC PVWPPKPK 178

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 301

- 35 (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

50 CISQDVCANL KYKNGPPNPC IGDGGSSLFK MSRSTFWKTS ATKSWIFTHK ENNRCLITPP 60
 ISCNPHLLS LPPRCLGPVV AGPPTSRRGR LYSPNPWSNA LSGLQNQNKT GSL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 302

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

15

GGRPSNHRAQ AAGWEAQEMG AVAADGGCDE ASVVFLVSKD PGFGGRCLPK RRPQHLEQTA60
PTISYTWVWR SILVFQICTN VLRDTSLLLL 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 303

- (A) LÄNGE: 158 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

40

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LMRKTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFFIVG VIIGKIAL 158

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 304

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 305

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

FKGKTCCEMSS YINFFLHMVM INLNPMIWWI HQSNLPSCAC YLYKAIFPII TPTIKNKTTR 60
AKSRVLRPSS FPVGANAEMG LLLCTVFLIR SPSSSLNCLF SSRSL 105

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 306

(A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

RPPQRTLRRHS AQLGAAPAAL PQPLWELPRA HGSQROPGPG EAADHAEQER EEAAERPGSS 60
PEEGQEGSGA FGGHTGHRAC ARCLGRGALG GRIPCGLLCQ LFRRDGCPAD SEVQHIIHQH120
WQQLLP 126

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 307

- (A) LÄNGE: 240 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

NVGRCCQAQA RAGAASLNAS LDGLHNALFA TQRSLEQHQR LFHSLFGNFQ GLMEANVSLD 60
 LGKLQTMLSR KGKKQQKDLE APRKRDKKEA EPLVDIRVTG PVPALGAAL WEAGSPVAFY120
 ASFSEGTAAL QTVKFNTTYI NIGSSYFPEH GYFRAPERGV YLFAVSVEFG PGPGTGQLVF180
 GGHRTPVCT TGQSGSTAT VFAMAELOKG ERVWFELTQG SITKRSLSGT AFGGFLMFKT240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 308

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

KAGIEGHRGS CLPERRAQT WHRCPDPYVH QRLRFLLVPL PGSFQVFLLL LPFPAQHGLQ 60
 LPQVQADVGF HEPLEVPKEA VEEPLVLLQA ALSGEECVVE AVKGGVEGGG PGPGGLAAP120
 PDI 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 309

- (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

PTTTLVIPLF FLSSRK RKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVTYP FSEVLLFHGV60
TLLSESKFRK QVLPLADKNH TSFL 84

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 310

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTCAP PGPANCFNF FFFFFFFLVET 60
35 GSPPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120
GGLCEGKD 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 311

40

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

5 WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60
 TPWKRRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLCQ RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 312

- 10 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

25 ISTSIAALWL PGGQDAGGGA LWPLCGSRGL CVSDRFPGNF RARLTSWKFK YSIALEF 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 313

- 30 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) **HYPOTHETISCH: ja**

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

45 SAHQLQHCGY QGVRMRAVEP SGLCVVAEDS VSATVFRETS GRDSHLGNSN TO 52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 314

- 50 (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

NSRAIEYLNF QDVSLARKFP GKRSLTQSPR LPHKGQRAPP PAS

43

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 315

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESPKEYIQKQ ISYNYSDLDQ SNVTEETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EHAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGR GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 316

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

5 FMKNKSLLEPL PISTFIWFSD IKFYFCPVLI LNSLPLIQSH LFWTLLFYLF NFILLIFSVC60
HWMMEFTFRC FLSHI 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 317

10 (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

25 SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLPGRHV LGGQGLQN 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 318

30 (A) LÄNGE: 235 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

45 LHLGAQRALA PGLFRLQGML RALLGRQLFR ARGPPVVREP LPRTTRLAVR HWPPCDRPL 60
RVGPGSPLPP GPLMHLLPA PAHQGVLPGA RRQALLPALL PEALRLTARS ARPLPRRPRP120
PGKAGSSRPR GLALRAGGPT HWRAPPLRYE ESSGVKFRNG PARPKPTRPQ SGLHTDKNSR180
AGLHSIPTLE GAPLLGEGPC NSSESEARPG RPCSLPHPCS VHHFYLHKHT HSTSK 235

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 319

(A) LÄNGE: 478 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

15

GSRPFFCSPPR ATGPRPAMED LDALLSDLET TTSHMPRSGA PKERPAEPLT PPPSYGHQPQ 60
 TGSGESSGAS GDKDHLSTV CKPRSPKPAA PAAPPFSSSS GVLGTGLCEL DRLLQELNAT120
 QFNITDEIMS QFPSSKVASG EQKEDQSEDK KRPSLPSSPS PGLPKASATS ATLELDRLMA180
 SLSDFRVQNH LPASGPTQPP VVSSTNEGSP SPPEPTGKGS LDTMLGLLQS DLSRRGVPTQ240
 AKGLCGSCNK PIAGQVVTAL GRAWHPEHFV CGGCSTALGG SSFFEKDGAP FCPECYFERF300
 SPRCGFCNQF IRHKMVTALG THWHPEHFCC VSCGEPFGDE GFHEREGRPY CRRDFLQLFA360
 PRCQGCGQPI LDNYISALSA LWHPDCEVCR ECFAPFSGGS FFEHEGRPLC ENHFHARRGS420
 LCATCGLPVT GRCVSALGRR FHPDHFTCTF CLRPLTKGSF QERAGKPYCQ PCFLKLFG 478

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 320

25

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

45

EQGLGVWRTR LFREGAASGG EGEPSGLSAE ELQEAGLAVG LAGALLEGPL GERAQAEGAC 60
 EVVRVEAATQ GRHAAAGHRE ATRGAQRAAS CVEVVLAQRA ALVLEKAASR EGREAFPAD120
 TVRVPERAER RDVVIQDGAL AALARGEQL QEVPAAVGAA LALVETLISE GLPATDAAEM180
 LWVPVSAQGG HHLVSDGLVA EATSWREALK VALGAEGGSI LLEEAASQ GGTASANEVL240
 GVPGAQSRH HLPSNRFIAG ATEAFGLGGN TPAAEVGLQQ PQHGV 285

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 321

50

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

GLHLQPLLWR QSTEEEVREE GOALTEPKSC GAQGGAQHRG LTPCPTGNGL GLAQP KIPAL60
SNSWRVDSVL ACLVSSDIFH TVEQNHQPCT DVTLCRKRP 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 322

15

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

ETQSSQRLTC PRSLGLDLSL RLRLQNPHSI CYISQGWGQG SCEQKEKYQL LKGLGFVGRA60
RQGQRGIQNK GASTSAWDGP IHSGRGCGVS PVLNRHLAS 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 323

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

SNPKAPVSMW VKGPTMGTYT QEDESSLASE SDCLPQTTPQ NRLLSHLPLH SDKTQAHIPG60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 324

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

VFPTVLRGVL VPSSVTSKPG LIVPIGDEGG MRRSHLQLLS VERTSGTEKN RGPFGSLEGR 60
 GTRVGELIAE RRDVQRPSAP LSWDVNRIFF STPSLPVLP LFFFPSIKRC I 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 325

- (A) LÄNGE: 272 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

SSRASGITRA ARPCPAKNEG PSKAFVNCDE NSRLVSLTLN LVTRADEGWY WCGVKQGHFY 60
 GETAAVYVAV EERKAAGSRD VSLAKADAAP DEKVLDGFR EIENKAIQDP RLFAEEKAVA120
 DTRDQADGSR ASVDGSSEE QGGSSRALVS TLVPLGLVLA VGAVAVGVAR ARHRKNVDRV180
 SIRSRYRTDIS MSDFENSREF GANDNMGASS ITQETSLGGK EEKVATTEST TETKEPKKAK240
 RSSKEEAEMA YKDFLLQSST VAAEAQDGPQ EA 272

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 326

- (A) LÄNGE: 241 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

TLVFGRLRTK PFRIPGFLQR KRRWQIQEIK PMGAHLWIP AALRNKVEAP ERWSPPWCPW 60
 AWCWQWEPWL WGWPEPGTGR TSTEFQSEAT GQTLACQTSR TPGNLEPMTT WEPLRSLRRH120
 PSEEEKSLLP PLRAPQRPKN PRRQKGHPRR KPRWPTKTSC SSPAPWPPRP RTAPRKPRRC180
 15 RRLLPAPMTI TFRIMSILGP SAPGDPTPCS NTCLGFSYCP QRRAGPLLSD IKAWPNCSYW240
 G 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 327

(A) LÄNGE: 121 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

35 AVVRVTWYKG EGITLPPVLT PALVRGESIP IRLFLAGYEL TPTMRDINKK FSVRYYNLV 60
 LIDEEERRYF KQQEVVLWRK GDIVRKSMH QAASQSRFE GTTSLGEVRT PSQSDNNCR120
 Q 121

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 328

40

(A) LÄNGE: 140 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

5 GETRVHSQQG GGIKAPSWDW FFREPGPLVK GLLGHVKQYL EQPRPWGYQV ERREGRRLLPC 60
 THLPWWAGFS LLGSTLPSPV HDTDPRASPC PRPSYRLLFQ DITDNPERME KGGAWVPAVS120
 GQKEVACGNL RSPHPRFPKR 140

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 329

10 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

25 VFPCHLVGAG PTPATTSGTA KGSTRCDYPG PCWQLRIPGT CSDPVSGSSE SQEPRMRALC 60
 SPSSKTQGSF PRKGAHVPQR GWLPGCYLFY PTSAAESQGE TASHPKPLGF SREKNLSQKH120
 DLFSGCK 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 330

30 (A) LÄNGE: 418 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

45 GSTSTKNTKI SQACGVIVEL IKSCKMAGGA VLLAGPPGTG K TALALAI AQ ELGSKVPFCP 60
 MVGSEVYSTE IKKTEVL MEN FRAIGLRIK ETKEVYEGEV TELTPCETEN PMGGYGKTIS120
 HVIIGLKTAK GTKQLKLDPS IFESLQKERV EAGDVIYIEA NSGAVKRQGR CDTYATEFDL180
 50 EAEYVPLPK GDVHKKKEII QDVTLDLDV ANARPQGGQD ILSMMGQLMK PKKTEITDKL240
 RGEINKVVNK YIDQGIAELV PGVLFVDEVH MLDIECFTYL HRALESSIAP IVIFASNRGN300
 CVIRGTEDIT SPHGIPLDLL DRVMIIRTML YTPQEMKQII KIRAQTEGIN ISEEALNHLG360
 EIGTKTTLRY SVQLLTPANL LAKINGKDSI EKEHVEEISE LFYDAKSSAK ILGLTRQG 418

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 331

- (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

VPQCGLGANL PQVVQCLLTD VDSFRLGTDF NDLFHFLWSI QHGPDYHHSV QKVKRDAVRG 60
 CDVLSASDDT VASVGCKDDD GSDRRLLQGAV QVGEALNVQH VDLINKQHTR DQLSNALVDV120
 LVHHLINLPS KFCVDFCLLW LH 142

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 332

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LAHHGQDILS PLGPRISHIQ VMQGHILDDF FLFVHIPFWQ GDILFSFKVE FCGIGITPAL 60
 PLHGPTVGFN VNHISSFYSL FLQTFKNAGV QFQLFGSFGC FESYDHMANG FAISSHGILC120
 LTRS 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 333

- (A) LÄNGE: 176 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

10 QAMGKKQKNK SEDSTKDDID LDALAAEIEG AGAAKEQEPQ KSKGKKKKEK KKQDFDEDDI 60
LKELEELSLE AQGIKADRET VAVKPTENNE EEFTSKDKKK KGQKGKKQSF DDNDSEELED120
KDSKSKKTAK PKVEMYSGSL TNFLKKLKGK LKNQIRSGMG QRRMRITVKK LKSVQE 176

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 334

15 (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

30 RFKIKKDCKT ESGNVLWEFN KLPKKAAGKA QKSNKKWDGS EEDEDNSKKI KERSRINSSG 60
ESGDESDEFL QSRKGQKKNQ KNKPGPNIES GNEDDDASFK IKTVAQKAE KKERERKKRD120
EEKAKLRKLK EKEELETGKK DQSKQKESQR KFEETVKS VTVDTGVI PA SEEKAETPTA180
AEDDNEGDKK NER 193

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 335

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

ETVAFARPPF PSLFSFPPLS SFLFLLIFRS FCLLHCHLLQ LWESLLSLQR QELLQYQQL 60

WILQFLLQIS FEIPFVYSDP FYLFLTLLFL SASAVSLFLH LAFFSRAPSF LPSFGPLS 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 336

(A) LÄNGE: 230 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

LQRLPPGAE RPAHLCTGPG GEDGAGGRVP GTRPQRPPAL QRAEDGRQGG LRVAGTAGPP 60
 PGVPLRPGQG GSGHQEQGAS HPGSLDQGLT GAKRPQGCPA CGRRPPCVGG VPGSAHRPQP120
 EGAALRRGRS RLQQAGPCCC RVLWLRRCHP AGLPRRPPAA DPGARAAAAGG RHVLCRSPLH180
 PGLRPPLPQW GLLRPEGGCL CVPVSRGILR TALREGAGGE VSGGRGYLGL 230

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 337

(A) LÄNGE: 416 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

QDGS GPFLAD FNGFSHLELR GLHTFARDLG EKMALEVVF L ARGPSGLLLY NGQKTDGKGD 60
 FVSLALRDRR LEFRYDLGKG AAVIRSREPV TLGAWTRVSL ERNGRKGALR VGDGPRVLGE120
 SPVPHTVLNL KEPLYVGGAP DFSKLARAAA VSSGFDGAIQ LVSLGGRQLL TPEHVLQVD180
 VTSFAGHPCT RASGHPC L NG ASCVPREAA Y VCLCPGGFSG PHCEKGLVEK SAGD VDTLAF240
 DGRTFVEYLN AVTESEKALQ SNHFELSLRT EATQGLVLWS GKATERADYV ALAIVDGH LQ300
 LSYNLGSQPV VLRSTVPVNT NRWLRVVAHR EQREGSLQVG NEAPVTGSSP LGATQLD TDG360
 ALWLGG LPEL PVGPALPKAY GTGFVGCLRD VVVG RHPHL L LEDAVTKPEL RPCPTP 416

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 338

(A) LÄNGE: 241 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

NQHMKNNTAMA RPRYPGRRQR STPSHSELLS IAPRRWGV A EGYGHVQGGW AGPAEGQDTQ 60
IGPGLASAPQ QPGLAQAAARE QRRVPSSNI VWKSQYWRRR PRQGPEHTQE GAAQIGAWKG120
PVGSPGGRAP SDLSSPFLSG TRVPPDGARV IQEPGLLP GG DTVGQAQCKA GAQHLEAGVC180
VLRLPSTPSP PRCHLACPSL STRSVCSTAA WTEGRPGQQS LRPTLRQENH IKKRQVYKNR240
K 241

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 339

(A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

LLQPQGEMPP GNPPMSTRGQ EATVLRTPEN LAGELFLVHP SLQLYLCPAD NVKDWSKVVL60
AYEPVWAIGT GKTATPQQG 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 340

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

5

FPVGVQLQSCQ YQWPTQAHRP GRPCSSPSRY LQGRDTAGGK GEQERALQPG SPEYEERWPP60
AP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 341

10

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

25

SLLGCCSLAS TNGPHRLIGQ DDLAPVLHVI CRAEIQLEGR VNKKESSQV LRSTKNGGLL60
PPSGHWGISR WHLPLGLEKS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 342

30

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

45

ASGGEEGRGK LRKVTGICKH EMIREYPNGA TRAGEACTPE

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 343

50

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

PAGTKMFQFP ASAPDLFRCA GFTCTGCPIR IFTDHFMLAD TRDFSQLAAS FFASRSLGIL60
R 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 344

(A) LÄNGE: 46 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

LQVLRQFSSL RLPLIYSGVQ ASPARVAPFG YSRIISCLQI PVTFRSLPRP SSPPEA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 345

(A) LÄNGE: 257 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

5 KNLSQLEPRE NAKKEVRKER GMGWVAAGAA QLLSLLSTST ASDSSVISSS ACTSGLLPRR 60
 RSPASPRSAH LHHLGGLHF HLALADLLDV EGEGWHLVDR GLGARVHHVV GREGFAQLVP120
 RRLQFLAPLG GHQARAQLVH ALLQGVPRLL QVFLGLEARL LQVLGTHLG LLHLLLGEG180
 LEVVHAPQAL RLIRSARDSS ITSSTSTASS DESSSAAASS SGRSPSPSS PSFSGSASDS240
 FSDLLMLSLA GSFTSSW 257

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 346

- 10 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

25 KSRRCQRRR ARSWARASGP RRTQRRWSFR RTRRWRLRRL LRSPAQSVSS AGPAARGRLQ 60
 EGLLQGEDGE DQAYPREPG EDAPQDQKGP GEDAAHPGEA HEQAGHAPGA RRAARETEDV120
 AGQVAQILHA RPRGVRLQD RGLQATLHL PRQEDPRGPG GSAQGHRDGG GGRSGGRPAT180
 CGAGAAPTCT RCWRSPRSRT PCWWTRATAT ERPPLPPTPF LAPSELPLSH SLSARAG 237

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 347

- (A) LÄNGE: 263 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

45 GRLPGYPDRR GPGASSAGAQ AAEPSPGAGS EELIKSDQVN GVLVLSLLDK IIGAVDQIQL 60
 TQAQLEERQA EMEGAVQSIQ GELSKLGKAH ATTSNTVSKL LEKVRKVSVN VKTVRGSRLER120
 50 QAGQIKKLEV NEAELLRRRN FKVMYQDEV KLPKLSISK SLKESEALPE KEGEELGE180
 RPEEDAAALE LSSDEAVEVE EVIEESRAER IKRRACGAWT TSRRPSPRR WRRPRCVPAR240
 TWRRRASRPR KTWRRRGTPW RSA 263

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 348

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

SSGSSRFGSS GSRRRYASLY FCCAIEDQDN ELITLEIIHR YVELLDKYFG SVCELDIIFN 60
 FEKAYFILDE FLLGGEVQET SKKNVLKAIE QADLLQEEAE TPRS GS 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 349

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

LFLMPQNKVR MVICQEFFIT VSYKKRVALF TVLCVKSLFK ARMFPLGYLL KLNLFCEFPPL60
 RSAAHFTAAS FLMSALPS 78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 350

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

5

TCLHGLYFHL YMLGWIKLCC DCDQHS GHVS TVLSHRQLVV INVQRTKKKK GAASLGGITG60
SGVKR 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 351

10

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

25

LPGLPLRQLG GVCHGHRPGL LLHQQHGGGA GAVQQPQREE EALHDPGQGS APAELCQFQQ 60
HVPRFPLQQP QAVQEGGGAG AGQGLVLWQP GAGLQGVQPG DDGAPDLQHG DAAGDSHHDD120
PAQELPAAEH RAQGPGGPRP ALRGGARSNC RVCLVQMCPE APEGSHQLMP ASDPQQGWFA180
AAAQGEFVSD PGHHHH 196

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 352

- (A) LÄNGE: 361 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:

50

SLASLSDSLG VSVMATDQDS YSTSSTEEEL EQFSSPSVKK KPSMILGKAR HRLSFASFSS 60
MFHAFLSNNR KLYKKVVELA QDKGSYFGSL VQDYKVYSLE MMARQTSSTE MLQEIRMTMT120
QLKSYLLQST ELKALVDPAL HSEEELEAIV ESALYKCVLK PLKEAINSCL HQIHSKDGSL180
QQLKENQLVI LATTTTDLGV TTSVPEVPM EKI LQKFTSM HKAYSPEKKI SILLKTCKLI240
YDSMALGNPG KPYGADDFLP VLMYVLARSN LTEM L LNVEY MMELMDPALQ LGE GSY YLT T300
TYGALEHIKS YDKITVTRQL SVEVQDSIHR WERRRTL NKA RASRSSVQPL HLRVVP GARA360
A 361

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 353

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:

VDGFLQGLQD TFVQGRLYNC FELL LGVQGG VHQGLELGAL QQVALELGHH GANLLQHLRA 60
 GGLARHHLQA VHLVVLHQAA KVRALVLRQL HLLLVQLAVV GEESVEHAAE TGKAQPVPSL120
 AQDHGGLLLH AGAAELLQLL LRAAGGVGV L VGGHDRHPQA V 161

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 354

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

SGRGPKYVID VEQPFSC TSL DAVVNYFVSH TKKALVPFLL DEDYEKVLGY VEADKENGEN 60
 VVWAPSAPGP GPAPCTGGPK PLSPASSQDK LPPLPPLPNQ EENYVTPIGD GPAVDYENQD120
 VASSSWPVIL KPKKLPKPPA KLPKPPVGPK PEPKVFNGGL GREAAASSVSA QPLLSPQAGL180
 GRHGRQSYRR SWEKRRGTGS MVSDTPGTSG LVPGRARW 218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 355

(A) LÄNGE: 253 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

10

AGEGVDGLTQ ETPLKPVSQ L PGPAGAPTGR RGOAEDPGSV MASALRPPRV PKPKGVLPSH 60
YYESFLEKKG PCDRDYKKFW AGLQGLTIYF YNSNRDFQHV EKLNLGAF EK LTDEIPWGSS120
RDPGTHFSLI LRNQEIKFKV ETLECREMWK GFILTVVELR VPTDLTLLPG HLYMMSEVLA180
KEEARRALET PSCFLKVSRL EAQLLLERYP ECGNLLLRPS GDGADGVGHH AADAQRDARG240
15 PALQGEAGGA PST 253

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 356

(A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

35 LTTASREVQE NGCSTSITYL GPLPLHLVMP DHVRPVVHLP RGDRHRRRRP RWAAAAGSRT 60
RGSAPGAVVP PAGSPSGSTR VSPVHGAPPL WPRLQTSCIG AQEAGSSRSG HGAPPPLR 118

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 357

40 (A) LÄNGE: 223 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

5 DHTCGCAGNL QEAIMLRSGV TSQGIHPGSP WCCTPTQAEI IVGDQSGAIH IVDLKT DHNE 60
 QLIPEPEVSI TSAHIDPDAS YMAAVNSTGN CYVWNLTGGI GDEVTQLIPK TKIPAHTRYA120
 LQCRFSPDST LLATCSADQT CKIWRTSNFS LMTELSIKSG NPGESSRGWM WGCAFSGDSQ180
 YIVTASSDNL ARLWCVETGE IKREYGGHQK AVVCLAFNDS VLG 223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 358

10 (A) LÄNGE: 193 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 358:

25 FFFFFFFFEP EQHLRVGLLL LPPRLSPRPG PAWPVPNPVG WPGHLHQGGQ LLAGTNKPFH 60
 LAMVVVFSMD RGPETRAGRG REHTSLGVGT SLRPLSSFPG SADFPQCRL AQSRVQVGL120
 GRALSHLDKQ LGAESPRAAW PSRSRRHRGP SGPVAQAGRG GSALTWVLHG SLQLPPPAPG180
 SPEGSQASPA HCH 193

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 359

(A) LÄNGE: 251 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

PGCCMG PSSC HHLHQAVPRG HRLAQHTVIE GQADNSLLVA AILSLDLSSL HTPEPGQVVR 60
 GSSDDVLGVP REGAAPH PAA GGLPGVAALD AQLRHQGEVG RPPDLARLIS RAGGEERGVG120
 50 AEATLQGVAR VGRDLSLGDE LGHLVTNAPR QIPDIAVSGA IDSCHVAGVG IDVGGRDGD180
 GLRDQLLVVV CFQVPD VDSP ALVTHDELCL GWGAAPGTPR VNALGGHTGP QHDCFLQVTS240
 TSACMILTSS C 251

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 360

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

GNIPHSNLTD ASSPKRIKIV ACTDQENILG RMKYVCLFFF KNKGFWNSGE

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 361

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

KGNQLYQGET RALGTMTRT AFILHSDCF QSSNDCQATS QMTDNFCCSF LYKMLRQQA 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 362

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

5 DKILLSPRME CSGMIMAHCS LDLPGSHLSL PSSWDHRHVP PCPANFYFGR DKVSPCCLGR60
FQTPGLK 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 363

- 10 (A) LÄNGE: 84 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

25 MRRCIHPSHS LSGSRQTQSP LSHSASNGST TKVAQQMRRA AAVVGESTEE TRLGRALGAA60
GFTNKQLSEN TAQGEKRVN CLQN 84

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 364

- 30 (A) LÄNGE: 127 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

45 CAYRTEKWKs HTVPCsPEVK LVLTLALRAF SSMEPLGLGR KARVSAHRHT SYLQDIDCLC 60
RGSTGQPTAN TAASLVsASL LPVHPGDYSW INLPKNSAFI MSLFCSKTQN GSLPPRGRPS120
HHCIPNR 127

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 365

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

15 PYVHSPA WSP WGLVGR LVS HTDIPATFRT LIVSAEVALG SQLQTQQPPW FQLLSFQYIL 60
ETTPGLIFLR TQHS LCHF SV RKP KMAPCHL EADQVITVSP TASTVCIWYI VQAP 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 366

(A) LÄNGE: 30 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

NLHSNIKVFF YNVPKISGPQ QAVFVPVFFN

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 367

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

KECMSEAQFL ATTLTGNNC RGILQLIHTQ HLLHTVFTDS NLVG

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 368

- (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

NVDFRCKNML EIRFSAIKPN TKKIKKNVCQ KPNS

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 369

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLLA TPLLKPQLLA GSPAHLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60
 TLSCPLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRRA EPQERGEPA GDRRLPEWG RVSLAESPGA120
 EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTEE 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 370

- (A) LÄNGE: 244 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

10 NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60
QQTTELQSLRR EVSRLQGTGG PSQNGEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESGERS RKRRAVLTQK120
QKNDSVDTEV MWQPALRRGR GLQAQGYGVR IQDAGVYLLY SQVLFQDVTF TMGQVVSREG180
QGRQETLFRG IRSMPSHPDR AYNCSYSAGV FHLHQGDILS VIIPRARA KL NLSPHGTFLG240
FVKL 244

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 371

15

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESFFCFWVS TALLFRDLSP LSQASRASEL 60
CSGRLCQGYF SPFWEGPPVP CSRLTSLRL CSSVCWVSRA MAQATAPRAA POLNQRATES120
AGSLTGPPML PGGPLGASKK GDEAGMSWGP CQQLWFQEWG SKEVAGRVRV RAVVQKGRRL180
35 LRKEK 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 372

40 (A) LÄNGE: 148 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

VLYHCASRYR RRARQTCAFS YTRSADLPSR TPPVEDLLEL SRAFWV... GGRVRLGGT 60
 EAHEDGIPPE SMDHYADGHR PQHCHLGYRC HGRPQREGLP RCLKVPPVNL SSVSVFPFVT120
 HRAGMEFNGC SGQTLVHGQT SLLWILQD 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 373

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

CLPVRRLRQF EPKTPKVEAE FQSMGSRLSQ PFESYITAPP GTAAAPAKPA PPATPGAPTS 60
 PAEHRLLKTC WSCRVLGSLG LMGAGGYVYW VARKPMKMGY PPSPWTITQM VIGLSIATWG120
 IVVMADPKGK AYRVV 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 374

(A) LÄNGE: 152 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPCLLCVSRG KGQRQKTDLS VVLSNNAVGL PFGVCHDNDT PGGNAEADDH LRNGPWTRGV 60
 SHLHGLPCHP VHVPARPHQP QPRKHATAPA GLQQAVFCWG GRRSGCSWGR RFGGRGGGTG120
 RRSDIGLKRLL GQPRPHALEL GLNLGRLWFK LA 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 375

(A) LÄNGE: 107 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

GAEQLRSCA MAVSQEGLDG EVKAPDARIF IPCANTAFTP DLQVLQQVLS SFTVSSPLFH 60
SGFICYTPNL FSQSTPQSLP CWGQHRKRQN LRKEKGNLQP AMDLMIP 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 376

15

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

IPKNFYHNIH RSLYQLYLEV KQAWESIDCS ACPRVEALNK ATKTPEITDL TFQWPTGPGS 60
QQVGHQANHL FPCASLCKSW SVPLARPSLV QDLGPQTKES RGLGFPDPRM VSL 113

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 377

(A) LÄNGE: 124 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

FGGPQAQPHS AVGSSLSSQI QVNLSFKNKG EPQTCSTTRD NNTPWQELHY LDCLRTATVR 60
 QEACCDPLCS MPDIAQASSIP YHLPMLFFG TTTLAKREYG KQRPRALLQY RHFEVGRQHM120
 LHSK 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 378

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

HKIILISRYR RNSVVTQAI LYTPMILQRK HPSLLLPLW QLKICSSSTL KRRKRNNLSL60
 IPKLPH 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 379

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

PEKSPGAGPL LGGSPFFFFFF YVSKSTEFIL KHSIKFESHE TKASLHYMLI LAKSKDQHTI60
 DIHDNVV 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 380

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

10

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPISFEAKLI LLFYKSNQDS FFRMLKAQCL RFMLAALLAL60
LLPEMKTQN R 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 381

15 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

30

MDGAQGRLLP VSSRHSNLAL LKPTSRDLTA PPEGASLMTV GGITAPRDVQ VWNPRTWESV 60
TLRGKRDPAP VLQFRISWWG DDRGWLRLWAL SNHGGPYKGR GVTRVCA 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 382

(A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

50

EVENHTNLLS YSSRGQESKM VFTRLKSCQC GFVSPRRLWG RIQCLFQLLQ GPPHRLAPGL 60

LAI FTARSFL ASCADPRP SLIRAPMITQ GPPQPSTVIS PPRNPE RRVPFATQGN120
TFPRPGV PNL DISGGCYSTH RHQ 143

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 383

- 5 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

SHTHAQLSNH GGVQEPPLPL GVPKPWGS DS GALS R PGCKL KTPGGFQNAQ CLGHNLDQLN60
LNLQRDITAP QETPRGSQSA KPEETI 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 384

- 25 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

40 LEPIRFQQKV MEKETEKRI S EIEDAAFLAR EKAKQDAEYY AAHKYATSNK HKLTPEYLEL 60
KKYQAIASNS KIYFGSNIPN MFVDSSCAL K YSDIRTGRES SLPSKEALEP SGENVIQNKE120
STG 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 385

- 45 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

10

DNSCVRYVEA QQKSHGTTSR NLSAVRPVSL MTVCWLCQTL YLGKESPD LN GSFPWALS YR60
GICNMEKIIF HFCSFNSINS LYK 83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 386

15

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

CLTFQCRQYL SIRLSSEFMSS SLERN TYRIL DKTVAEKTIC VSDSWLYPPI SGAPRTIAGE60
VEQMKCKFSV NLKSPYND CS H LTPWATS 88

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 387

(A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

TCEPFRNPQV GKDP T PSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 388

- (A) LÄNGE: 173 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

AQESPWQLCR GARTSKRKLP KLGMEQHCNE MCPSSLFLP GAYKAQMYSD VWTNTKKKKK 60
 KKKKKAFLSH RHKTQIIYCY EALFTNGQFL HFIAACERLP DGRPISLVLQ TSSQAIFYQK120
 GENSCLSFLK NAFLYLSIRH YTSELYKRPG GTMSLVDTFH CSVAPFLAWE ASA 173

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 389

- (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

TCEPFRNPQV GKDPTPSLRI ICLAITGSWK CFLGCVKINQ GGMKHIFLAT KLEFLREQMQ 60
 RDLLLLLARLQ GPLWSHTEAV TGHKPRRARG SCAEAPGPLS GSFPS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 390

- (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

10 RCPRRGREMD SGCWLFGGEF EDSVFEERPE RRS GPPASYC AKLCEPQWFY EETESSDDVE 60
 VLTLKKFKGD LAYRRQEYQK ALQEYSSISE KLSSTNFAMK RDVQEGQARC LAHLGRHMEA120
 LEIAANLENK ATNTDHLTTV LYLQLAICSS LQNLEKTIFC LQKLISLHPF NPWNWGKLAEL180
 AYLNLGPAIS AALASSQKQH SFTSSDKTIK SFFPHSGKDC LLCFPETLPE SSLIFCGRDT240
 15 RNGRKIGKFC KCANLVGERG TG 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 391

(A) LÄNGE: 66 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 391:

35 KPVPLSPTRL AHLQNFPIFL PFLVSLPQKI KELSGKVSGK HKRQSFPECG KKDILIVLSLE60
 VKLCCF 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 392

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 392:

QAGGRVPWLN GLCWLL
NTPAVLSDTL VVCRPGLL

LQQSPAPPYA YPGEPDTEPD LPGHPE

WLMTIFQRYW60
78

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 393

- 5 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

TSLEGIDLQP SHLTIYTAAL KEKTPDFRRL SPRVSETADS RKVARGPRFV MRDNPGRGGD60
HRGLQAPGWM KEGRGWGV L 79

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 394

- 25 (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 393:

40 VTTPPPSQIS SFLPPSTAPF TKPPIPDPPS STPAPGDPYD HPRARGCPAL QIGAHGRPYG60
SPRSPRREER DV 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 395

- 45- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 395:

10 P P P P P P K F H P S F R L L Q P P L Q N P P S P T L L H P P R R L E T P M I T P A P G V V P H Y K S G P T G D L T G V 60
R G L R D A R R E T S E V W R L F L Q G C C V D C E V G G L K I N S L E G G 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 396

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 396:

30 N W R Q T V W Q R V R E G A C A Q E S S R P A S G C R F L R C A I G A S A F S G D R G S A V A T N T Q P H T H N H T H K 60
W G Q P H P V Q A F T N V I S V L F Y F 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 397

(A) LÄNGE: 309 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 397:

50 Y D N S S T C K K G K V F P G K I S V T V S E T F D P E E K H S M A Y Q D L H S E I T S L F K D V F G T S V Y G Q T V I 60
L T V S T S L S P R S E M R A D D K F V N V T I V T I L A E T T S D N E K T V T E K I N K A I R S S S S N F L N Y D L T 120
L R C D Y Y G C N Q T A D D C L N G L A C D C K S D L Q R P N P Q S P F C V A S S L K C P D A C N A Q H K Q C L I K K S 180
G G A P E C A C V P G Y Q E D A N G N C Q K C A F G Y S G L D C K D K F Q L I L T I V G T I A G I V I L S M I I A L I V 240

TARSNNKTKH IEEENL
HSSMPRPDY

FQNLKLRSTG FTNLGAEGSV FPKVRI R DSQM QNPYSR300
309

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 398

- 5 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 398:

QALIASTTFN VIDSYLASEL DSLQTFTTSI QRGWQMSDGR KTPEARSLLV LTSPSVFLNT 60
LNNSLYIGWG PWRVPHSYDS NSQGGACCCV LNRDFASGCL WRPLS 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 399

- 25 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 399:

40 CFSCFVICS SV SLCTLNIYPL CDK KKKKKKKK SRTSTFDFSQ PQPRKNGSWD KQLVFVSKTQ60
IGHINATAFR SFDFD 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 400

- 45 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 400:

10 RKKAVCFMND LICFLDNTFK NNVLSQAWWC VHLVPTIWEA EAGGSLEPRS LKLQCPVVAP60
VNNCTPAWAT 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 401

15 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 401:

30 LVPQGSLLQT HPFVFFSFLE MRSRYVAQAG VQLFTGATTG HCSFKLLGSS DPPASASQIV60
GTRCTHHHA 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 402

35

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 402:

PPLWVATVRN GCCHVEWTLF ANRSLPGFGN TSITSLLLFC RDKTFEVARP RTSKDSCYSA60
TVYTAHLSYS HVLSSLVRLF 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 403

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 403:

LTNMSDHLFG WLLLEMAVVM FSGLCQPTDP CQVLEILLP RCYFSAGIKL LRWPDPEHPR60
 IPVTVLQYTL LIYPILMCFL L 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 404

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 404:

VSHYPHSVSK PPKHQTKQMV VALTHSRLTS EFKWENTPYT TVIIPLWTLN ITYFLKIILL60
 KKKAHENRIN EQCIL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 405

- (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 405:

RYLNMGNLLK VLTCTDLEQG PNFFLDFENA QPTESEKEIY NQVNVVLKDA EGILEDLQSY 60
RGAGHEIREA IQHPADEKLQ EKAWGAVVPL VGKLKKFYEF SQRLEAALRG LLGALTSTPY120
SPTQHLEREQ ALAKQFAEIL HFTLRFDLTK MTNPAIQNDF SYRRTLSRM RINNVPAGE180
NEVNNELANR MSLEYAEATP MLKTLSDATT KFSVENKNLP IENTTDCLST MASVCRVMLE240
TPEYRSRFTN EETVSFCLRV MGVVILYDH VHPVGAFKAT SKIDMKGCIK VLKDQPPNSV300
EGLLNALRYT TKHLNDETTS KQIKSMLQ 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 406

(A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 406:

YYIHLIINFL LRLCRLGIFK IKEKIWPLLK VCACQNFKKI PHVKVPSASA GDSVLVLLSS 60
ARASRRSQSR SCALLDRRGG SSAALGGAPG PERGSGGSRT GSPSTPAPVA EPPQA 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 407

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 407:

QEPALALDAG WENMGYLLRL PEDLLMLLLT SEKIRKISLI CLLVEQLHPM PSLATSHLLD 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 408

- 5 (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 408:

TVLHSHLPSS CLPCLSTHSV KEPRGATSPR LCFPTACGMG VSSATAGLRC FHQPCRHLVL 60
HEEQTLRGWS GMGRSPLGGQ ALVPSRFPSL APGVHTAQSA PGGWKPPCFR SLGSPP 116

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 409

- 25 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 409:

SPDERCSIRT SPPRACPASP RTVLRSQEEP LRPDFVSPPP AAWVCPVPPL ASAASISLVA 60
TWSEFMKSRHL EAGREWGRP WEGRRWFQAG SRPWRLECTQ PSRHLVAGSH PALDHSGPHL120
RRVPALDQSR GH 132

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 410

- 50 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 410:

WKQRRPAVAL DTPMPQAVGK QSLGEVAPLG SLTLCVERQG RHEEGRCEWS TVHPGISQPE 60
SPPSLAAPEH SLWPTATEMS ACQDTWRRKK TRHQKKLPPQ EQIELLDQGH TRSGRHPAPC120
AQGKETQFNV WLLCSRETAT LP 142

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 411

(A) LÄNGE: 244 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 411:

KRRGVRQFRW LVCTRRASPG AARSAPIAPA TGSGRRPNMD SAGQDINLNS PNKGLLSDSM 60
TDVPVDTGVA ARTPAVEGLT EAEELRAE LTKVEEEIVT LRQVLAAKER HCGELKRRLG120
LSTLGELKQN LSRSWHDVQV SSAYVKTSEK LGWEKVTQ SDLYKKTQET LSQAGQKTS180
ALSTVGSAIS RKLGDNRNSA TFKSFEDRVG TIKSKVVGDR ENGSDNLPSS AGSGDKPLSD240
PAPF 244

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 412

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 412:

5 LGHFLIPLSK FLRSFHIGAR DLHVMPAPGQ VLFQLPOGGE AQPPLELSTV PLLGCQDLAQ 60
SDNFLFHLGK LSPDLLLSL CQTLNSRSPG SHTCVDRNIR HGVRQQTFRV RIQVDILAGG120
VHVRAASGPC RGRYGSRAGG AGRSSPRTH 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 413

10 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 413:

25 ALETCTSCQL LDRFCFSSPR VERPSLLLSS PQCLSLAART WRRVTISSST LVSSALSSSS 60
SASVRPSTAG VRAATPVSTG TSMESDSRP LLGEFRLISW PAESMFGRRP DPVAGAMGAE120
RAAPGEARRV HTSQRNCLTP RRF 143
30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 414

35 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 414:

50 RRGALWWAA KELRRTKKLS DYVGKNEKTK IIAKIQQRGQ GAPAREPIIS SEEQKQLMLY 60
YHRRQEELKR LEENDDDAYL NSPWADNTAL KRHFHGVKDI KWRPR 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 415

- (A) LÄNGE: 386 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 415:

AAELRDCGSR RISRSPSSNS HLSPRISLGS NLGPQTSRLG GPPSPSATWS VFWQLPRQQS 60
 LPGRGSANLL PSVRSESAVL SDCVGGFPGR SSVRAWIAGP RCTPASPTRV LSLSWRLFNS120
 ASLLLLATST SGSECRFPFR PRARERGIPD CERLLVRRSC WRSGDPRPAG PAGHAAGAFS180
 TPQYLGGTAM VLLHVKGDE SQFLLQAPGS TELEELTVQV ARVYNGRLKV QRLCSEMEEL240
 AEHGIFLPPN MQGLTDDQIE ELKLDKDEWGE KCVPSGGAVE KKDDIGRRNG QAPNEKMKQV300
 LKKTIEEAKA IISKQVEAG VCVTMMEMVKD ALDQLRGAVM IVYPMGLPPY DPIRMEFENK360
 EDLSGTQAGL NVIKEAEAHC GGQPRS 386

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 416

- (A) LÄNGE: 182 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 416:

GVEKAPAAWP AGPAGRGSPD RQQLRRTNSR SQSGIPRSLA RGERGKRHSL PEVDVAKSNS 60
 EAELKSRQLK LRTRVGEAGV HRGPAIQART ELRPGKPPTQ SERTADSERT DGRRFADPLP120
 GSDCCRGNCQ NTDQVAEGEG GPPNRLVWGP RFPLREIRGL RWELLDGERE IRREPQSRSS180
 AA 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 417

- (A) LÄNGE: 467 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 417:

15 HTLSRWTKHS IPRWNDARTD DTWHSELDNR KIGQARNTLM DMRLSQVSDS VSGQTVVDPK 60
 GYLTDLNSMI PTHGGDINDI KKRALLKSV RETNPHHPPA WIASARLEEV TGKLQVARNL120
 IMKGTEMCPPK SEDVWLEAAR LQPGDTAKAV VAQAVRHLPQ SVRIYIRAAE LETDIRAKKR180
 VLRKALEHVP NSVRLWKAHV ELEEPEDARI MLSRAVECCP TSVELWLALA RLETYENARK240
 VLNKARENIP TDRHIWITAA KLEEANGNTQ MVEKIIDRAI TSLRANGVEI NREQWIQDAE300
 ECDRAGSVAT CQAVMRAVIG IGIEEEDRKH TWMEDADSCV AHNALECARA IYAYALQVFP360
 20 SKKSVWLRAA YFEKNHGTRE SLEALLQRAV AHCPKAEVLW LMGAKSKWLA GDVPAARSIL420
 ALAFQANPNS EEIWLAAVKL ESENDEYERA RRLAKARTV PPPPGCS 467

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 418

25

(A) LÄNGE: 352 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 418:

45

TPGRWGHCPR LGQQPPGPLV LIILGLQLHG CQPDLLTVGV GLEGQGDAP CCRHIPQPL 60
 GLGAHEPQHL CFGAVGHSP LQECFQGLPSA MVLLEVRGAQ PHTLLAGEHL QGVGVGDGSC120
 LQGIVGYTTV SILHPGMLPI FLLNPNPNHG THDGLAGGHT PSPVTFLGIL DPLLTVDLHT180
 VGPQRGDGVS DDLHLHLRVP IGFLQLSSRD PDMSVCRNVL PRLVQDLGI FIGLQPCQSK240
 PELHAGGAAL HSSAQHDSSI FRFFQLNGCF PQANRVWNML EGFPKNPLLC TNVRFQLCGS300
 DVNPDRLWEM TDSLGYHGLG CVPRLQPGCF QPDIFTLGAH LRPLHDKVPS YL 352

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 419

50

(A) LÄNGE: 424 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 419:

PPGAPFFLFF FFLTRDIKTF NEGGHSSEPF HMRPNPAPRR PAMATAQSEG VLDAAGHQPK 60
 DVPDLLLLPVG DVLGHGAPQL PMPRLCTLTA LPHLLLLLLS AMLQLKLVEE GPGIPQVRVN120
 LHSAVEPLPG LGDLPLTPKQ LGHGQEHMGV MLTLLQGIHA LGPPLGPCLE EDGLRPQDTG180
 VGALLQRLGH ECICDVLQPR TVLQPHGLQP QPRVLWVLQT RLFQNGPCSS KLPNLLLQPR240
 EQKPQGCVG TLLQPLVIGF PRLHHLHLLL LDPLLHHPQL GEVLIVPQGL LAQILGCPDV300
 VLHPLQLHRL HEHPGGGGTV RALASSLRAR SYSSFSDSSF TAASQISSLL GLAWKARARM360
 LLAAGTSPAS HLDLAPMSHS TSALGQWATA LCRSASRDSR VPWFFSKYAA RSHTLFLLGN420
 TCRA 424

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 420

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

GRTLPRGGGT VWVQGHGLEG WWAALSGSGF PAVGFLEWLL RLVIYFLSLLP VTPGAPEYRL 60
 FSPWAVSLSC FLTLLPGLLC VHLRLAWSKQ VRPLLLYSLV LFWHLVKLA 109

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 421

(A) LÄNGE: 177 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 420:

10 VSPSSSAAG TLFQGLCGAP DAPHPLSKIP GGRGGGRDPS LSALIYKDEK LTVTQDLPVN 60
DGKPHIVHFQ YEVEVKVSS WDAVLSSQSL FVEIPDGLLA DGSKEGLLAL LEFAEEKMKV120
NYVFICFRKG REDRAPLLKT FSFLGFEIVR PGHPCVPSRP DVMFMVYPLD QNLSDED 177

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 422

15 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 422:

30 ASRPYILELR EKDPCRPLAH RGSSTVGEGH QEHRGPGTM CLQHWSWGHL LNGKILLSWV 60
FIILGGSAGG GRRRRGEWVG GRVGGCGVAR AGRSLWAKSL SGRGRVPSSC LSER 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 423

35 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 423:

50 GFSSLLPFFC VLSLSLSLSS FLIHEYFRVC LSLSLCFLQP LSRRRCFPPL PHYLFTSQVY60
HEMVGRWGSA 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 424

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 424:

FMNIFVSVSL SLCVSSSPCL GDGVFLPCPI IFSPPRSTIS WWVVGPPKG SVRRFGQLER60
IRCGWSIRGS MLGEWGG 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 425

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 425:

PPHSPNMDPR IDHPLILSN WPKRLTLPLG GPPTTHHEMV DLGGEKIMGQ GRKTPSPRQG60
LEETQRERET DTKIFMN 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 426

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 426:

10 PFCSSLAKLQ GIWGMWDLQF PAPASALSQV LTPAPASAPA PGRAPAPAAA

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 427

(A) LÄNGE: 114 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 427:

30 EDKMRPGLSF LLALLFFFLGQ AAGDLGDVGP PIPSPGFSSF PGVDSSSSFS SSSRSGSSSS 60
RSLGSGGSVS QLFSNFTGSV DDRGTCQCSV SLPDNNFPVD RVERWNSQLI VISQ 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 428

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 428:

EITMSCEFQR STLSTGKLLS GRETEHWQVP RSSTEPVKLE NNWDTEPPLP KLRLELEPDL 60
ELELKLELES TPGKELKPGL GIGGPTSPKS PAAPRKNRR ARRNERPGLI LSS 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 429

- 5 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 429:

AAAGAGARPG AGAEAGAGVN TWERAEGAG NWRSHIPQIP CSLAKEEQKG

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 430

- 25 (A) LÄNGE: 224 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 430:

40 QTQKVVTSP RITLHWLLPC AAHPPDLHKK GQENSGCAPA TAHSAPPGRS PPELRAGLQR 60
 LARAVLPVSR FSAPQPPAAS FSGPRVAPSE ESGPGTSSNS GRLALPRLRS LCPLGVARPR120
 CCRALARCCC SSSPRTAAWA RRAGSSSLAS PTSPTSaelQ AHPGQPAAPV RHRIPEHAAA180
 QPAGPRDHEG GAGAGRRLDP AGHEAVPPGH QEVPVLALRP RLPR 224

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 431

- 50 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 431:

10
15
PALLGLPFIG SSLAPPTLQI CIKKAKKTLA VPQORLILLP RVGAPRSCAR ACSASPALSS 60
RCPASPRPSR RLPAFRGPES HPAKRAGPGQ ARTPAASFPF GSAPSAPSGS RAHDAAGPWL120
AAAALPRLAL LPGLGARALP LWPARLLLQA QNCKPIPANL QLCHGIEYQN MRLPNLLGHE180
TMKEVLEQAG AWIPLVMKQC HPDTKKFLCS LFAPVCLDDL DETIQPCHSL CVQVKDRCAP240
VMSAFGFPWP DMLECDRFPQ DNDLCIPLAS SDHLLPATEE APKVCEACKN KNDDNDIME300
TLCKNDFALK IKVKEITYIN RDTKIILETK SKTIYKLNGV SERDLKKSVL WLKDSLQCTC360
EEMNDINAPY LVMGQKQGGE LVITSVKRWQ KGQREFKRIS RSIRKLQC 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 432

(A) LÄNGE: 323 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 432:

35
40
VISFTFIFSA KSFLQSVSIM SLSSSFLFLQ ASHTFGASSV AGRRWSLLAR GMQRSLSWGK 60
RSHSSMSGQG KPKADMTGAQ RSFTCTQSEW HGWMVSSRSS RQTGAKSEHR NFLVSGWHCF120
MTSGIQAPAC SSTSFMVSWP SRLGSRMFY SMPWHSCRLA GMGLQFCACR RSRAGQRGRA180
RAPSPGSSAR RGRAAAASQG PAASWARDPE GAEGAEPGKG EAAGVRACPG PALFAGCDSDG240
PRKAGSRRLG RGEAGHREDS AGEALQARAQ LRGA PTRGSR MSRCWGTARV FLAFFMQIWR300
VGGAREEPMK GNP RRAGHYF LGL 323

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 433

45 (A) LÄNGE: 333 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 433:

10 RGRTWELFLA GRRVLVTGAG KGIGRGTVQA LHATGARVVA VSRTQADLDS LVRECPGIEP 60
VCVDLGDWEA TERALGSVGP VDLRGDCADM ELFLAGRRVL VTGAGKGIGR GTVQALHATG120
ARVVAVSRTQ ADLDSLVRER PGIEPVCVDL GDWEATERAL GSVGPVDLLV NNAAVALLQP180
FLEVTKEAFD RSFEVNLRAV IQVSQIVARG LIARGVPGAI VNVSSQCSQR AVTNHVSVC240
TKGALDMLTK VMALELGPHK IRVNAVNPVT VMTSMGQATW SDPHKAKTML NRIPLGKFAE300
VEHVVNAILF LLSDRSGMTT GSTLPVEGGF WAC 333

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 434

15

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 434:

35 APGHNLRHLD DRTQVHLKGS VKGLLGDLQE GLOQGD SGVV HQQVHGAHAA QRPLGGLPVT 60
QVHAHGFYPR ALADKAVKIR LSPAHHHPR ARRVRQLDRA APYTFACPGD QHPAAREEQ120
HVGAVSAQVH GAHAAQRPLG GLPVTQVHAH GFYPRALADK AVKIRLSPAH SHHPRARRVQ180
RLDRAAPYTF ACPGDQHPAA REEQ1PCSPT 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 435

40 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 435:

FFFFFFFFFL GSRIRFIGGI GGRMSTAWGL RCVEGAQQAQ KPPSTGKVEP VVMPLRSLSR 60
 KRMAFTTCST SANLPSGIRF SIVLALWGSL QVAWPMDEVIT TVGFTAFTRI LWGPSSRAIT120
 LVSMSRAPLV EQ 132

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 436

- (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 436:

KAKSWVPSDF RFQELPENTR SQRVIEWSLF CRDSWEYGHP APRCGNESSR SGEAALADVQ60
 LAAPVSNQLH PDGVEDRGVG GLLPELHHAE PYLV 94

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 437

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 437:

FSGVCFAGIA GSMATLLHDA VMNPAEVVKQ RLQMYNSQHR SAISCIRTVW RTEGLGAFYR60
 SYTTPSPISC 70

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 438

- (A) LÄNGE: 98 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 438:

15 KAPNPSVLHT VRMQLIADRC CELYICKRCF TTSAGFITAS WSRVAILPAI PAKQTPENYP60
LRSGVLRKFL EPKIRRNPGI SFLRSKMYIQ SAQVSTDS 98

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 439

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 439:

35 RSVVRRCLKM AAEEPQQQKQ EPLGSDSEGV NCLAYDEAIM AQQDRIQQEI AVQNPLVSR 60
LELSVLYKEY AEDDNIYQQK IKDLHKKYSY IRKTRPDGNC FYRAFGFSL EALLDDSKEL120
QRFKAVSAKS KEDLVSQGF EFTIEDFHNT FMDLIEQVEK QTSVADLLAS FNDQSTSDYL180
VVYLRLLTSG YLQRESKFFE HFIEGGRTVK EFCQQEVEPM CKESDHIHII ALAQALSVSI240
40 QVEYMDRGE GGTNPFIPE GFRAQGLTLF 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 440

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 440:

RWRRRNLSRR SRSRWAATPK VLTWVPMMPK SWLSRTEFSK RLLCRTLWCQ SGWSSRSYTR 60
SMLKMTTSIN RRSRTSTKST RTSARPGLTA TVSIGLSDSP TWRHCWMTAR SCSGSRLCLP120
RARKTWCPRF SLNSQLRIST TRSWT 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 441

(A) LÄNGE: 210 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 441:

IAPSRLKQ GK TLGSEALRED VRIGGAALAA VHVHLHDGHA EGLGQRNDVD VVALLAHGLH 60
LLLAELLDSP STLDEVLEEL ALALQVARGE QPQVDHKVVG GALVIEGGQQ VGDRGLLLHL120
LNQVHERVVE ILNCEFSEAL GHQVFLALGR HSLEPLQLLA VIQQCLQVGE SESPIETVAV180
RPGLADVRVL FVEVLDLLLI DVVIFSILV 210

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 442

(A) LÄNGE: 322 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 442:

NSERGRLOAM MTHLHVKSTE PKAAPQPLNL VSSVTLKS SA SEASPQSLPH TPTTPTAPLT 60
PVTQGPSVIT TISMHTVGPI RRRYSKYNV PISSADIAQN QEFYKNAEVR PPFTYASLIR120
QAILESPEKQ LTLNEIYNWF TRMFAYFRRN AATWKNVVRH NLSLHKCFVR VENVKGAVWT180
VDEVEFQKRR PQKISGNPSL IKNMQSSHAY CTPLNAALQA SMAENSIPLY TTASMGNP TL240

GNLASAIREE LNGAMEHTNS NESDSSPGRS PMQAVHPVHV KEEPLDPEEA EGPLSLVTTA300
 NHSPDFDHDR DYDEPVNED ME 322

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 443

- (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 443:

FGTRAPASHD DPPACEVYRT QSCPSAPESG IKCHPLQVRI GGFSTELTSY SNDPNRPPDS 60
 RHPRPLCHHN HQHAHGGTHP QAVLRQIQRA HFVSRYCAEP RIL 103

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 444

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 444:

SLSWSKSGLW LAVVTKDRGP SASSGSRGSS LTCTGCTACI GDLPGLLSLS LLLVCSIAPF 60
 SSSRIALAKL PRVGFPMEAV VYRGILFSAI EACKAALRGV Q 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 445

- (A) LÄNGE: 539 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 445:

15

LDVQVKDDSR ALTILGALTLP LARLLTAPEL ILQWFQLSS SGPNSRLYMK LVMRILYLD 60
SEICFPTVPG CPGAWDVDSE NPQRGSSVDA PPRPCHTTPD SQFGTEHVL RHVLEAQDLI120
AKDRFLGGLV KGKSDPYVKL KLAGRSFRSH VVREDLNPRW NEVFVIVTS VPGQELEVEV180
FDKDLKDDF LGRCKVRLTT VLNSGFLDEW LTLEDVPSGR LHLRLERLTP RPTAAELEEV240
LQVNSLIQTQ KSAELAAALL SIYMERAE DL PLRKGTKHLS PYATLTVGDS SHKTKTISQT300
SAPVWDESAS FLIRKPHTES LELQVRGEGT GVLGSLSLPL SELLVADQLC LDRWFTLSSG360
QGQVLLRAQL GILVSQHSGV EAHSHSYSHS SSSLSEEP EL SGGPPHITSS APELRQRLTH420
VDSPLEAPAG PLGQVKLT LW YYSEERKLVS IVHGCRSLRQ NGRDPPDPYV SLLLLPDKNR480
20 GTKRRTSQKK RTLSPEFNER FEWELPLDEA QRRKLDVSVK SNSSFMSRER DCWGRC SWT 539

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 446

25

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 446:

40

LLCLPAFVSL HHRLNVMSLK LGSKGRACAL QPFHLTG PYS GLCLTKEKNR MFPLLHGLYP60
SGPLGRGP EL AVSCFACTLF SLPPNSSGPS VSVPGQWQH 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 447

45

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 447:

VWIKLFTCST SSNSAAVGRG VRRSRRKCRR PDGTSSRVSH SSRKPLFKTV VRRTLHLPRK 60
SSLSKSLSKT STSSSWPGTD VTITSKTSFQ RGLRSSRTTW LRKLRPANFS LT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 448

(A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 448:

IKGALAGQNG LVSYVSQRRP PREGPHGGKK NNTGG 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 449

(A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 449:

KEPWLDKMDL SVMFLKGGLP GRDHMEVKKI TLAA 34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 450

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 450:

AASVIFFTSM WSLPGRPPLR NITDKSILSS QGSFYFRGG F

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 451

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 451:

FFFFFFVETGF RHVDETGLEL LASSDLPPQL LKVLGLYRHE PLSLALKRFS QRPSVR

56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 452

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 452:

IRFGISCPGP GISLQEPLPL CWRHSFRIRR RREKRKCKGG RSFPGRTISV THMDPR 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 453

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 453:

VTEMVRPGKD LPPLHFLESL LLLILKLCLQ QRGRGSCREI PGPGQEMP NL IYLTEGL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 454

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 454:

ILAFWRAAPL WHHQTLLCFP STWNSSNIRG CEGLAILLSW VHVSDRNGAA WERSPSFTFS60
LLPPPPYSKT VPPTEGQGLL 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 455

(A) LÄNGE: 182 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 455:

15
 ARLPLLAED RGQPGSVKDP KMAGRKLALK TIDWVAF AEI IPQNQKAIAS SLKSWNETLT 60
 SRLAALPENP PAIDWAY YKA NVAKAGLVDD FEKKFNALKV PVPEDKYTAQ VDAEEKEDVK120
 SCAEWVSLSK ARIVEYEKEM EKMKNLIPFD QMTIEDLNEA FPETKLDKKK YPYWPHQPIE180
 NL 182

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 456

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 456:

40
 AQSIAGGFSG KAA NLEVRVS FQDFRELAMA FWFWMISAK ATQSMVFRAS FRPAILGSFT60
 DPGCPRSSAA SNGSRA 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 457

- (A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 457:

CPECVIQGPE LPPGLNFINS QLVGEANRDT FSCLIWFLGK LHSSPQWSSD QMELSSSSSP 60
SLSHILQSWP LRETPTQHKI SHLLFLRHPP GQYIYPLARE PSAH --- --- 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 458

(A) LÄNGE: 223 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 458:

RGAGGHQGES GRPEGWPPPF LHPRGRFQVP WLESVLIVVS NNIDEEALAR LAQEGSEVNV 60
IGIGTSVVTG PQQPSLGGVY KLVAVGGQPR MKLTEDPEKQ TLPGSKAAFR LLGSDGSPLM120
DMLQLAEEPV PQAGQELRVW PPGAQEPCTV RPAQVEPLL RCLQGGQLCE PLPSLAESRA180
LAQLSLRSL PEHRRLRSPA QYQVVLSERL QALVNSLCAG QSP 223

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 459

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 459:

VIRVSSQPR SESQGDPAH RLFTRACSLS DSTTWYCAGL RSRLCSGLSR LRDSWAKALD 60
SARDGSGSHS CPCWRQSRSS GSTWAGLTVQ GSWAPGGHTL SSCPACGTGS SANCSMSMSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 460

- 5 (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 460:

PPLFPHLLFL WGKVSDDCCF QSAPLRVSGG LPRTQTVHQG LQPLGQHHLV LCRAPQPPVL60
 RAESAQQQLG QGSRLCQWE RLTQLSLLEA EPQ 93

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 461

- 25 (A) LÄNGE: 328 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 461:

40 FSLILCKHSI GDRKNYASAK LSELLPEEVE AEVKAAAEIS MGTEVSEEDI CNILHLCTQV 60
 IEISEYRTQL YEYLQNRMM IAPNVTVMVG ELVGARLIAH AGSLLNLAKH AASTVQILGA120
 EKALFRALKS RRDTPKYGLI YHASLVGQTS PKHKGKISRM LAAKTVLAIR YDAFGEDSSS180
 45 AMGVENRAKL EARLRTLEDR GIRKISGTGK ALAKTEKYEK KSEVKTYDPS GDSTLPTCSK240
 KRKIEQVDKE DEITEKKAKK AKIKVKVEEE EEEKVAAAAE TSVKKKKKRG KKKHIKEEPL300
 SEEEPCTSTA IASPEKKKKK KKKRENE 328

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 462

- 50 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

15 YNRNSFLLIL VLSLFFFLLL FLWTSNCCAG TWFFLRKWFF LNVFLFTPFL LLLHRCFFFF 60
CHFFFFLFFN FNFNLGFFGF LFSNFILFIY LFYFAFFRTG WKCGVTRRIV SLHFTFVFIF120
FCFC 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 463

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 463:

35 SSFSLFFFFFF FFFSGLAIAV LVHGSSSESG SSLMCFFLPL FFFFTDVSS SSATFSSSSS 60
STLTLILAFL AFFSVISSSL STCSILRFLE QVGSVESPEG S 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 464

(A) LÄNGE: 427 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 464:

GGSSRRHGGG YAAVALLVLL LLGPGGWCLA EPPRDSLREE LVITPLPSGD VAATFQFRTR 60
WDSELQREGV SHYRLFPKAL GQLISKYSLR ELHLSFTQGF WRTRYWGPPF LQAPSGAELW120
VWFQDTVTDV DKSWKELSNV LSGIFCASLN FIDSTNTVTP TASFKPLGLA NDTDHYFLRY180
10 AVLPREVVCT ENLTPWKLL PCSSKAGLSV LLKADRLFHT SYHSQAVHIR PVCARNARCT5240
ISWELRQTLV VVFDALFITGQ GKWDWSLFRM FSRTLTEPCP LASESRVYVD ITTYNQDNET300
LEVHPPPTTT YQDVILGTRK TYAIYDLLDT AMINNSRNLN IQLKWKRPPE NEAPPVPFLH360
AQRYVSGYGL QKGELSTLLY NTHPYRAFPV LLLDTVPWYL RLLHPLPACP GPAATPPPGD420
ADSAAGQ 427

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 465

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 465:

SPSILYGSCT CHSHKAFGGP DTGGHPSCR P HQVQSCGSGS KTLSLMWINL GRSSVMSSQG 60
35 SSAPLSTSST PPTQSLPLPP SNPWWPMTL TTTEFCAMLCC RGRWSAPKTS PPGRSSCPVV120
PRQASLCC 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 466

40 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 466:

5 PQAARRLCRC CSARPVAPGA RRLVPCRTPT RQPAGGTCHH PAAFRGRSRH IPVPHALGFG 60
 ASAGRSVPLQ ALSQSPGAAD LQVFSTGAAP VIHTRLLEDP ILGATLPAGP IRCRAVGLVP120
 RHCH 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 467

- 10 (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 467:

25 FLHKTHNRAV EEAKEPFLCL CSRTERGPLA SVSLLVLPGL YQALRRGMET PHSGAWLGEG 60
 EAAGVLWASR GYNLSSLGNV CPFVGSSPTR RGTQLYTGTI CVWSVL 106

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 468

- 30 (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 468:

45 ISTKQTTTHRL SQCKVESPDV SDYCLQMDTR SPSSDYTLE KPKEPLPPPL PQARPQSGAF 60
 PYPASRPGTV REEPAGSRWP EGLSQSYRG IKRAPLLPPQ P@CESCAGIN LRNSPEAETG120
 LMPWERSECE PMAPSLLGTN LPKYVKAEGD RDLAEGRKSF SSRN 164

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 469

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

- (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT: _____
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 469:

15 EIRGRPPLEF PPLSCVDEFL QNRPHDCPS VKLSPPTCRT TAYKWTHVPQ RAQIIPSRSP 60
 KNPCRLPFFPK PGPRVGRFHT PPQGLVQSGK NQQAHAQRA SLSPTTEA 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 470

- (A) LÄNGE: 317 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT: _____
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 470:

35 NMVDYYEVLG VQRHASPEDI KKAYRKLALK WHPDKNPENK EEAERKFKQV AEAYEVLSDA 60
 KKRDIYDKYG KEGLNGGGGG GSHFDSPFEF GFTFRNPDDV FREFFGGRDP FSFDFFEDPF120
 EDFFGNRRGP RGSRSRGTS FFSAFSGFPS FGSGFSSFD T GFTSFGSLGH GGLTSFSSTS180
 40 FGGSGMGNFK SISTSTKMVN GRKITTKRIV ENGQERVEVE EDGQLKSLTI NGVADDDALA240
 EERMRRGQNA LPAQPAGLRP PKPPRPASLL RHAPHCLSEE EGEQDRPGAP GPWDPLGVRS300
 RIERRWQEEE AEAERGV 317

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 471

- 45 (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

10 SMPLVQLPSS FKLLSLLLLL PLATFFQSCC GRRGGPRARV PQVGPARPPP QRDSEARVSA 60
ARQAGAASAG GGRQAGLAGR SGLSACAPQR GHRRRPHLL LRTLTHLLQ LLLFLDRSRQ120
FSL 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 472

15 (A) LÄNGE: 105 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 472:

30 KIRSNQCLWS NFLPPSNSSL CFCFFLLPPS FNPAADAEGV PGPGCPRSVL LALLLRETVR 60
RVSQQRGRPG RLRAEAGRL GWQGVLASPH ALLSEGIVVG HTIYC 105

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 473

35

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 473:

IVSERSLRSL WTAHWALPEM DSRIPTYDDYP VVELPAYENP PAWIPPHERV HHPDYNNELT 60
QFLPRTITLK KPPGAQLGFN IRGGKASQLG IFISKVIPDS DAHRAGLQEG DQVLAVNDVD120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 474

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 474:

PPTGRPPPPFF FFFFFFFFSIV FYFLGERLGG GRGENSVSLE SQKCMNLLVV QGWDKMAREV60
RWKIPKILFA TDFYN 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 475

- 25 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 475:

LGGLSSSDVK SQLSSRRLQ CDGSGQKLQ LIVVVRVYP LMRRNPCWRI LIGRQENHRV60
VIIRNPAVHL GQGPVGSPQR PQTPLTDNSV WEPEADA 97

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 476

- (A) LÄNGE: 274 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 476:

10
GHLWRPAGGR LPRHHDQVCR AAEPHRGGGL CGHQRRLPHR PRVQEGWGLC PHESLHQVPA 60
DRPWHEPGAG CAADCEDPHR RPGACEPGAP PAARAAGLGR GTRHGNGDIL SFEDANRAMQ120
TGVGTGIMAR GALLKPWLFT EIKEQRHWDI SSSERLDILR DFTNYGLEHW GSDTQGVEKT180
15 RRFLLEWLSF LCRYDPVGLL ERLPQRINER PPYYLGRDYL ETLMASQKAA DWIRISEMLL240
GPVPPTSPSC RSTRPTRTSS LRLSQGHPGA RRVQ 274

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 477

(A) LÄNGE: 256 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 477:

35
AGPAPVQPGP HTRCRCPRGH GSRGRSQAGK LWCPAGPRRP GTSTPPSSPV RTCGPLTDED 60
VVRRLRPCEKK RLDIRGKLYL APLTTCGNLP FRRICKRFGA DVTCGEMAVC TNLLQGQMSE120
WALLKRHQCE DIFGVQLEGA FPDMTKCAE LLSRTVEVDF VDINVGCPID LVYKKGGGCA180
40 LMNRSTKFQQ IVRGMNQVLD VPLTVKIRTG VQERVNLHR LLPELRDWGV ALVTEMGTSC240
HLRMPTAPCR LVSPGS 256

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 478

45 (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 478:

NLLYSPRPRV PLGKPEATCT RWPCASARRR GGGHWPKEHL ADADPVGCLL AGHQRLQVVA 60
AQVVGRPLVD PLWEPLQQPH GIVPAQEGQP LEQKAPGLLH ALRVRAVLQ AVVGEVPQDV120
QALGRRDVPV PLLLDLREEP RLEQGATGNH DPGDTS LHGA VGILK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 479

(A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 479:

GSPMSPARAM QTLFVPEHGD HGAGVCSDHH HRGGHVPAEP LQAVCTVLHQ PAQPGAEERR 60
CPVLRRMPVA SETQCQATES QSRSLTPRLG PPTAWPCALR PAERFPPLPA QCLLHVQLQT120
LFVPEHGDHG AGVCSDHHHR GGHVPAEPLQ AVCTVLHQPA QPGAEERRCP VLRRMPVALG180
EHSVRQRNPR AAGLRPASAH RPPGRAALRP AGALPPLPAH LSVPAARDRP AAHHLAVRRG240
GAPTLPGPLD LQGS GPRGGV GN 262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 480

(A) LÄNGE: 270 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 480:

AAQCLLHVQC KRSLFQSMEI TELEFVQIII IVVVTCLLSH YKLSARSFIS RHSQGRRRED 60
 ALSSEGCLWP RRHSVRQRNP RAAVLRPASA HRPPGRAPFA QRSVFHRCQP NVSCTCNCKR120
 SLFQSMEITE LEFVQIIIIIV VVTCLLSHYK LSARSFISRH SQGRRREDAL SSEGCLWPSE180
 STVSGNGIPE PQVYAPPRPT DRLAVPPFAQ RERFHRFQPT YPYLQHEIDL PPTISLSDGE240
 5 EPPPYQGPWT FKVRDPEEEL EIERGLGAET 270

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 481

10 (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 481:

25 ATTSCSLHGPS SAGTARGGGE KMPCPQKDAC GPRRAQCQAT ESQSRRSTPR LGPPTAWPCR 60
 PSPSGSASTA SSPPIRTCST RSTCRPPSRC QTGRSPHPTR APGPSRFGTP RRSWKLNWDW120
 VRRP 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 482

30 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 482:

RVLVSPLSL MWRWKVEKDT VSILKLLRFS ERGRHLNRQV GFSVLSALGI WREMGLLSLC60
 TQEGHALKT VVDQRRLYST GGIQMSLRGR EETWQADYI 99

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 483

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 483:

15

VLEEEKKHKGK QITSEPFELC FSFFPCLEFSK IYLNLETQDI FLGNLLPMSE VASAASRQIP 60
GNPEPQNVIP PGSAWPDVPL SAGFTYQSHS SFSINTPKSS PNHH 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 484

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 484:

KLDSTQCRPS LHTNMYVLLS ECHLLCTQCH DSKIKISVSN QNINQARNSW AQRGVRGLSY 60
TAVKQPTCSA HSQAESDWSC RQRGGGRVLC CPLLCMVSWV FQGGQLLSPN KTVNSLRTGP120
LPH 123

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 485

(A) LÄNGE: 303 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 485:

LGRKPSWVGG AGLEPSQGS LSHHPAPQSD SAPTSPPIPG EPGPQREVDK WGGSLGRPES 60
SGHPGRTPAT CCHCAVMAR SGSATPPARA PGAPPRSPQ RLVQDVSGPL RELRPRLCHL120
RKGPQGYGFN LHSDKSRPGQ YIRSVDPGSP AARSGLRAQD RLIEVNGQNV EGLRHAEVVA180
SIKAREDEAR LLVVDPETDE HFKRLRVTP T EEHVEGPLPS PVTNGTSPAQ LNGGSACSSR240
SDLPGSDKDT EDGSAWKQDP FQESGLHLS TAAEAKEKAR AMRVNKRAPQ MDWNRKREIF300
SNF 303

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 486

(A) LÄNGE: 149 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 486:

APRRPRPRRR LEPCESTSAR HRWTGTGSVK SSATSEPLPA CLGTLGPLPH GPWASACPEL 60
PQPQWTGGWS CHCPEISPPS GEPPSCPCPP GTGGLWQQDR GRETQRCERE SETETERERE120
RHRERQRESE RARGSRGARA FAALPGPAD 149

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 487

(A) LÄNGE: 217 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 487:

FLNGNRTTLQ STEAGGA LRPKVRAGGV PGSRRDQEGA QKLLKI FQSICGARLL 60
 TRMARAFSLA SAAVGLRWRF LSWKGSCFQA LPSSVSLSEP GRSLRDEHAE PPLSWAGLVP120
 LVTGDGRGPS TCSSVGVTSS RLKCSSVSGS TTSSRASSR ALMLATTS AW RSPSTFCPFT180
 SMRSWARRP ERAAGEPGST ERMYPGRDL SLCRLNP 217

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 488

- (A) LÄNGE: 298 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 488:

EIRAVGGGVC VDMGTPGEG LGRCSHALIR GVPESLASGE GAGAGLPALD LAKAQREHGV 60
 LGGKLRQRLG LQLELPPEE SLPLGPLLGD TAVIQGDTAL ITRPWSPARR PEVDGVRKAL120
 QDLGLRIVEI GDENATLDGT DVLTGREFE VGLSKWTNHR GAEIVADTFR DFAVSTVPVS180
 GPSHLRGLCG MGGPRTVVAG SSDAAQKAVR AMAVLTDHPY ASLTLPDDAA ADCFLRPGL240
 PGVPPFLLHR GGGDLPSQE ALQKLSVTL VPVSCSELEK AGAGLSSLCL VLSTRPHS 298

25

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 489

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 489:

AGHRYQGDRI ELLQCLLAVG QIPTSTVQEE RGHTRPRTK KETVSSCVI EGQGGIWWIC 60
 QHCHCPDSSL GSVAACHNS ARSPHAAETA QVGGTRDWHG GDGEVPERVR HDLSSSVIGP120
 FGEAYEKLPA GEENVSAIQ RVLVSFHNH EPQVLQGFAD SIDLWPTSGA PGPRD 175

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 490

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 490:

LGPCPLGSRP CRQAAVPAAM TPQVAVLAAV APVVASVYLP APRAPFELWP DPEREGQPPH 60
 LPPTPGSLGL PGSGHGSSGP APPPASPSHP HRLPLQPLGF LSFLVSSPVS SGHPHSCRAV120
 ISAGAPPPE RVGEGSPRL QASGTGSSGF 150

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 491

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 491:

FVKRTKQPRQ TLDAPCSALR LWGRCLLGEA VAQGVHCEAG PVDSAGGIHL ASGCLVSVYS60
 DIAFCCHLSC GQRGVSWHEN IFFFKCGSF 89

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 492

- (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 492:

LTHLLFEKCL LPSLGLITKF DHDHIVVSQS ALEIVSGLHE VAMGVWSTLK LYQSCTYFQT60
FLK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 493

(A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 493:

DGSRMLCHYI QKQDNLKLNQ CPLQSQQVQP HSARPELQPL PKGIFPTAST PSKEHQGFVS60
VVLFFLTID IYS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 494

(A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 494:

KCATFWSFPR RQGGLGIAIS EEDTLSGVII KSLTEHGVA A TDGRLKVG DQ ILAVDDEIVV 60
GYPIEFISL LKTAKMTVKL TIHAENPDSQ AVPSAAGAAS GEKKNSSQSL MVPQSGSPEP120
ESIRNTSRSS TPAIFASDPA TCPIIPGCET TIEISKGR TG LGLSIVGGSD TLLGAIHHE180
VYEEGAACKD GRLWAGDQIL EVNGIDLK A THDEAINVLR QTPQVRVRLT YRDEAPYKEE240

EVCDTLTIEL QKKPGKGLGL SIVGKRNDTG VEVSDIVKGG IADADGRLMQ GDQILMVNGE300
 DVRNATQEAV AVWIKVFP 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 495

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 495:

SAFAEMGSDH TQSSASKISQ DVDKEDEFGY SWKNIRERYG TLTGELHMIE LEKGHSGGLGL 60
 SLAGNKDRSR MSVFIVGIDP NGAAGKDGRL QIADELLEIN GQILYGRSHQ NASSIIKCAP120
 SKVKIIFIRN KDAVNQMAVC PGNAVEPLPS NSENLOQKET EPTVTTSDAA VDLSSFKNVQ180
 HSGASQGGRG VWVLLSAKKI HSVESS 206

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 496

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 496:

TSWIIMAPSS VSEPPTMLRP SPVRPLEISM VVSQPGIMQ VAGSEAKIAG VDDLLVFRMD 60
 SGSGEPDCGT IRDWELFFFS PLAAPAAEGT AWESGFSAWM VSFTVIFAVF RRLINFSIG 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 497

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 497:

15 SAPSLTKCRS THVYPLSLIM FMSGGSSRST LRRMVPTPST TSLSPRSSSS TSKLLTQSGP60
SLPQPPASRP F 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 498

(A) LÄNGE: 139 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 498:

35

SRSPACGASE HGDGAMSLIC SISNEVPEHP CVSPVSNHVV ERRLLIEKYIA ENGTDPINNQ 60
PLSEEQILIDI KVAHPIRPKP PSATSIPAIL KALQDEWDAV MLHSFTLRQS CRQPAKSCHT120
LCTSTMPPAV SLPVSPRKL 139

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 499

(A) LÄNGE: 74 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 499:

5

TTGRERGC RP CAGLFYCF LF LMKLDHCLQN PAQALLPIPF TVSLVRRAMT RQAASCWYRA60
 CDSSWRV VCS SGAE 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 500

10

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 500:

FSFFNETRSL LTKPCTSPPA HPLHSSLGSA SPVSQELQQN GCGTATTTTSI ERQEGRGAVG60
 LVQGFFIVFF F 71

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 501

- (A) LÄNGE: 284 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 501:

50

EARGLATRTR SGAAAHAGDR FTDADDVAIL TYVKENARSP SSVTGNALWK AMEKSSLTQH 60
 SWQSLKDRYL KHLRGQEHKY LLGDAPVSPS SQKLKRKAE DPEAADSGEP QNKRTPE120
 EEYVKEEIQE NEEAVKKMLV EATREFEEVV VDESPPDFEI HITMCDDPP TPEEDSETQP180
 DEEEEEEEK VSQPEVGAAI KIIRQLMEKF NLDLSTVTQA FLKNSGELEA TSAFLASGQR240
 ADGYPIWSRQ DDIDLQKDDE DTREALVKKF GAQNVARRIE FRKK 284

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 502

- (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 502:

ETFSSSSSSSS SSGCVSESSS GVGGSSSHIV ICISKSGGLS STTTSSNSRV ASTSIFLTAS 60
 SFSWISSFTY SSSGKSGVLL FCGSPLSAAS GSSSAFRLSF WEEGLTGASP SRYLCSWPRR120
 CLR 123

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 503

- (A) LÄNGE: 175 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 503:

VFLRCGWIII THSYMYFKIR RALIHNNLLK LPGGFHKHLF DCFFILLDFF LHILFFRQIW 60
 SSLILWFPAI RGLRVLLRLP LELLGGGAHR RVPQQVLMML APQVLEVAVL QGLPRVLRER120
 ALLHRFPQGV TGDGAGRAGI FLHVGKDGIV VRIREAIARV RCRSAPRARR QAPGF 175

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 504

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

CPPEKSLQMF QPLSSPDSHR KGTGFGLGIV FSLTFFKRRM WPLAFGSGMG LGMAYSNCQH60
DFQAPYLLHG KYVKEQEQ 78

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 505

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 504:

SKTSTLPVAI WTRQRLEHLQ GFLGWTSITR ILSSRPHPD TGPTSCRAFT QTCSPPPAPPA60
FLSAGPRAPT PESLARAGNK SQVRKAGADA PDIAR 95

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 506

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 506:

AIPNPMPEPK ANGHILLERK VSEKTIPNPK PVPFLWLSGL DRGWN I SGGHQLPGFY 60
 LHDRIQTPV PLPAELRLRH VPHRLQLSS RPAPALRPLK VSRELETSPR SGRQAQTLQI120
 SRDDPLLPSL PVFSVGRQGD AVVWRLEVTL TLGCAY 156

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 507

(A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 507:

25

AASGMLGSWP ARTFHPGACV SRRPSAPWKH TASGKDSPDL RFSEHGVSQE FWAGGLVAVL 60
 EMTSPSPWG TQEGPAGMCS LWVVGWCPGR GAGVRDLVLV HAGVWCKHVC AVQRDACCES120
 RTPAPPRKGG AVTSVLCLFL IKTFPLFSYK FASCKQVHKD PPLVKSGFE 169

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 508

30

(A) LÄNGE: 155 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 508:

45

TQNTGNRSFA PGWRWCAALS TRVSLYSTYM FTPHTCVDEH QITHPSSTTG TPADYPQAAH 60
 SGRALLGAPR GGARGHLQHC HQAASPEFLG NTVLGKPKVR AVLPRGRVLP GCGGPAADTG120
 PRVEGPGRPA SKHARRSLGE PGSVASSLLS LRSPI 155

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 509

(A) LÄNGE: 148 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 509:

15 ENRGNVLIKN KHKTLVTAPP FLGGAGVRLS PHASLCTAHT CLHHTPAWTS TRSRTPAPRQ 60
GHQPTTHRLH IPAGPSWVPH GEGLGVISST ATRPPAQNSW ETPCSENRRS GLSFPEAVCF120
QGAEGRRRLTQ APGWKVLAGQ LPSMPDAA 148

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 510

(A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 510:

NAYISGYERD FMTIQSNITL ADRETEVFHD LPSLPASLRQ NWIPTLVFFL PFTSFSLLYN60
VLRDQNSHQN RLFLR 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 511

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 511:

FRDTEGLLAL MTFWMGLQLM TILILEERTL LIFSPIALLR RSTSYSESLH IPLVFLQAPE60
PLVQMLY 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 512

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 512:

IFFFFFFFF PLRHLFNNCR NPKELASNLE VVSEAAGWLD WAQPLSCLNR PRNGIMMTMR 60
TSILSSSHCV YYVFSFNKAF VPMALELGGR LKECVVILSK M 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 513

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 513:

FGTMGGISDP DTLHIWKTNL LPLRFWVNIL KNPQFVFDID KTDHIDACLS VIAQAFIDAC 60
SISDLQLGKD SPTNKLLYAK EIPEYRKIVQ RYYKQIQDMT PLSEQEMNAH LAEESRKYQN120
EFNTNVAMAE IYKYAKRYRP QIMAALEANP TARRTQLQHK FEQVVALMED NIYECYSEA 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 514

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 514:

DRGAPALTPG HLHPLPPVPR SVSGMEAREL VRLPHLPSTA CTVPTHLLHN VQLVLLPRAP 60
 CIQAAKHKLK ERRPPARRLQ PRNSTSSTLV QGALLELTFD WFLQLPKCY LHFPLTRRGS120
 WPQTVSSSVR FLLLGRLLE WAVPAPWGAL WASPGAGRVE GRDGGHRSWE PRLQEKERG 179

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 515

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 515:

SGDRWEGMEV PRGQGGGAPV SESSPSSCPR PSRLCSVFPS LSHRHGVEDQ VEAQWASISP 60
 SSSLTNSPCV SGLTVALVDV VLHQSHLLK LVLQLCPPGR GVGLQRGHD L RPIPLGVLIN120
 LCHGHIGVEL ILVFPRLGQ MGIHLLLAER RHVLDLLVVA LHDLPVLRNL LGVEELVGWR180
 ILAQLQVRDG AGVDEGLRDD 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 516

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 516:

15 TSMEALLFRL FKLPAATLRC IGLRRPLVTH TLRRKCEHKA SRLCHGGCCC TLEPCVGRHR 60
DWDLERGKSS AKTGGEHGR RTAAARGGSE RPVLGHRRD PDAGGLRGQD GEALQHRGWH120
IPGSETLPGR GGHVPWPRPG RRHPHMC GF WDSQSLA 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 517

(A) LÄNGE: 401 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 517:

35 RTRCAGSVNT KPPGFVMAAA AARWNHVWVG TETGILKGVN LQRKQANFT AGGQPRREEA 60
VSALCWGTGG ETQMLVGCAD RTVKHFSTED GIFQGQRHCP GGEGMFRGLA QADGTLITCV120
DSGILRVWHD KDKDTSSDPL LELRVGPGVC RMRQDPAHPH VVATGGKENA LKIWDLQGSE180
EPVFERAKNVR NDWLDLRVPI WDQDIQFLPG SQKLVTCTGY HQVRVYDPAS PQRREPLETT240
YGEYPLTAMT LTPGGNSVIV GNTHGQLAEI DLRQGRLLGC LKGLAGSVRG LQCHPSKPLL300
40 ASCGLDRVLR IHRIQNPRGL EHKVYLKSQL NCLLLSGRDN WEDEPQEPQE PNKVPLEDTE360
TDELWASLEA AAKRKLSGLE QPQALQTRR RKKKRPGSTS P 401

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 518

45

(A) LÄNGE: 222 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 518:

10 SWEKLYVLVP DGNPQVQPI PHVLGPEHRF LRALQVPYLQ SILFPTCGNH MGVCWVLAHP 60
THPRAHSQFQ EWVRGCVLVL VMPDSENPRI HTCDEGAVGL GEATEHALPA RAVSLTLEYA120
ILGAEVLHRP VRAAHQHLGL AAGAPTQGAH CLLAPRLSSG REVRRLFSLK IYPFQDPSLG180
ADPHMVPACS SSRHDKAWRL CVHTSGAACA SPAGVEVRCT AV 222

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 519

15 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 519:

30 DPRPVSLTL ALLPRCHFSL SSVKYRLHIL SLNASTICVT PKDFWDFDET CEGEDTEKPV60
ICKHLLLFPH HLWDISAVVS KWQIIN 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 520

35

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 520:

ISSVNYHMTI QAQYKLGHCI LCGWISVAVF LTSPKKTSCR AELLVQAPDN DAPDFAFWGL60
SLLLSHFLKL FAWPWHH 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 521

- (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 521:

CGNKSCKLQI TGFSVSSPSQ VSSKSQKSLG VTQIVLALSD KMCSLYLTEE ERKWHLGSSA60
 RVSKETGLGS Q 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 522

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 522:

ASGGEEGRGK LRKVTGICKH EMIREYPNGA TRAGEACTPE

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 523

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 523:

10 PAGTKMFQFP ASAPDLFRCA GFTCTGCPIR IFTDHFMLAD TRDFSQLAAS FFASRSLGIL60
R 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 524

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 524:

LQVLRCFSSL RLPLIYSGVQ ASPARVAPFG YSRIISCLQI PVTFRSLPRP SSPPEA 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 525

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 525:

DLSKVTQLKS DSRGSNPFSL TPQMSMVLQF MLPSANRVFK NADCKGQVGW VMPVVSACVG60
ARV 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 526

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 526:

PYRPPLLSNP PAPGQPPSHP GSANCRNYRH NPPHLAFTIC IFEHSVS

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 527

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 527:

PNHIAPPCSR IPPPQASHPH TLAPQTAETT GITHPTWPLQ SAFLNTLLAE GSMNWRILI60
 CGVKENGFEF LLSLFSCVTL DKS

83

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 528

- (A) LÄNGE: 12 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 528:

10 LTYLFFFFFF FFLGRSLGFI RSVGTLFRSE APPSHGVGDS GGRGNPSEHP GGCVVSMYFA 60
LPHLFHGVPC QGQALICGEG SKQRRRPFGR GERAVAPRTP SPAHDIPEKE TKIKPRGLST120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 529

15 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 529:

30 PLLKGKKLSA ALTNLSFFFF FFFFFGKKPW LYSLCGDTVP FRGPSQPWGG GQWWAWESQR60
ASWRVRRHLHV FCSSPSFPWG PLPGSSTNMW 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 530

35 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 530:

NKAPGPFYVG APLKYGMVVG REAVAQQSLs PDYQLWGGFQ GARSRLGSSS HRHVGGGRKY60
LQGGTVSEEQ DGRGFSACYG ILFKEMGVKP GTVAHA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 531

(A) LÄNGE: 497 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 531:

TPALVQRFRE GGSGAPEQAE CVELLLALGE PAEELCEEFL AHARGRLEKE LRNLEAELGP 60
 SPPAPDVLEF TDHGGSGFVG GLCQVAAAYQ ELFAAQGPAG AEKLAAFARQ LGSRYFALVE120
 RRLAQEQGGG DNSLLVRALD RFHRRRLRAPG ALLAAAGLAD AATEIVERVA RERLGHHLQG180
 LRAAFLGCLT DVRQALAAPR VAGKEGPGLA ELLANVASSI LSHIKASLAA VHLFTAKEVS240
 FSNKPYFRGE FCSQGVREGL IVGFVHSMCQ TAQSFCDSPG EKGATPPAL LLLLSRLCLD300
 YETATISYIL TLTDEQFLVQ DQFPVTPVST LCAEARETAR RLLTHYVKVQ GLVISQMLRK360
 SVETRDWLST LEPRNVRAVM KRVVEDTTAI DVQVGLLYEE GVRKAQSSDS SKRTFSVYSS420
 SRQQGRYAPS YTPSAPMDTN LLSNIQKLF S ERIDVFSPVE FNKVSVLGTI IKISLKTLAG480
 SVCGLRTFLA LCGLQQG 497

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 532

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 532:

CGSGWSWPHW PATRPGQGPP SQPREVLPA P GGRLSGSPGR PPGDPAGGGP GARGPLVPRS 60
 PWQRLRARQR PAGPREPASA GGSGPAPAPA VSCHHHHPAPA PAAAPPAQNS GCPAAGRPP120
 ASRHLLGPGP QTAPGRPPPP GRGRPRSHCL HGR 153

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 533

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 533:

YDQALHLHV V GQQPPRRFPG LCTQRAHGRH WELILHQKLF ISESEDVGDG GRLVVQAEAG 60
 EQQEQGRWCG TPLLPRVAE ALSRLAHRVD EAHDEALTD TAEALTPEVG LVGEGHLFGG120
 EKVHCCQ RGL NVAQDGAGHI GQQLGQARAL LP SHARCCQR LADVCQAAQE GRPETLQVVA180
 QALAGHSFHD LRGSVCEPGS GQQGPGSPQA PVEAVQRPHQ Q 221

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 534

25

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 534:

40

PSILIPMTPG GFFSVMVRAK TGSTHRCSPA VYPLMRRIPC WRILIGRQET TG

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 535

45

- (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 535:

AGKKPPASHH KESGCPSRPS PTGHSTPPSD PLTDNSVW

38

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 536

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 536:

SGCVPSHEED SMLEDShRQA RnhRLVIIRN PVVHLGQAPL ATPHRPQIRS LTIQS

55

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 537

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 537:

TRGPRKRLRR SGRRGGLRSW AGRERVLGTA LLGIYIVFPR IPGSGSEEAV TPYDRRLDS 60
RNSPQAPAGQ STTSSSFCFC DGLESRGLKH TVSIDCIRFV QKPGQLTESH FLA 113

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 538

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 538:

EPADSQARGR QCLLLLHQVQ GIWLKACIFP GHKLPEPLKW EARQFQTNLF STHHSTFKVC 60
 LLLLPVHPPS LQFFHSLTSE RVPGGSMVNK LTCMLQKKKK K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 539

- (A) LÄNGE: 198 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 539:

YSLCSQCVSA PLTLNRHRSR RKRKWWIAQL EPGDCYDCLD LCGHRASQPP QTLSLECGGT 60
 QCRFPGLSP RPSPCPPSSS GLLFYRFFLV SFLGLLFTEG TAALGFLVTS ALLGSDGSAS120
 ASWDLGMGT MASTQMSWK APRKSPYRSR FSRKVGSGTS GGEKSRSEAM AQVACCLTSL180
 LTHHSLEPT APPRRSPR 198

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 540

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 540:

10 KKNSSALIFL EEAADFGCQI SLRNGHFLRC FFLTESVDKL IKRLSHFKIT PKSSSTVFFF 60
FSFCFKITNQ VRSPTSSSMN SFVTELLSVC SPHCALNTVS AAPVCPLFRK ESIFNTFTIC120
TPWNLHMLTS YYKPTHPLS SGTGHPL 147

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 541

(A) LÄNGE: 138 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 541:

30 KNDRFWTSI PGLKGALIKL FTEHVAEKHI YGLMPLLEA QSTPFQVTPS TMANIVKGLY 60
TLRPEWVQMA PTLFSKFIPN ILPPAVESEL SEYAAQDQKF QRELIQNGFT RGDQSRKRAG120
35 DELAYNSSSA CASSRGYR 138

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 542

(A) LÄNGE: 179 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 542:

KACIPSDQSG FRWLQLYFLN LFQTFSLRRW NLNFLNMLLK IRNFKENLYR MVLQGVTSFG 60
 RELGMSWLII ARQHVQVPGG TDSECIEYAF LPEKRTHWSC RDCIQSTVGA AHTQELCHKA120
 VHGRGCWTSY LVCNFKTKTK KKKNSAARLG GDFEMGQSFN EFIYRFCEEK ASQKVTISK 179

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 543

(A) LÄNGE: 92 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 543:

25

IQFLEAAFAV FLHCMRFGNE CRNLLWAFTF LCQFGFYCLN LMLTWRGDGG QCCCGASSES60
 VCGELCCADV AVGGQVRGSA PSWKKSLRV YV 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 544

(A) LÄNGE: 99 Aminosäuren

30

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 544:

45

KPNWHRKVNA HSKFLHSFPN RIQCKKTAKA ASRNCIYWPL PEQQAAMPAP WPPELDACCA60
 DVLTLMRMLG YGSDSEEIHL SYSSLERSSC VFNMKHFIW 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 545

50

(A) LÄNGE: 96 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 545:

15 OSQNTKVFVP IRIYTDPLTK VLLIMQFASS PSSWLGSSEI WHDHIKRTPS DMISSKKVPS60
LLPDHQRPHQ HNTTLRIQIH CWPNNSTVPH LLSRSA 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 546

(A) LÄNGE: 108 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 546:

35 GRDAGQSEPW LSTSGCCAWG GCAPGARGCW GPGPPSLGVG RKPGRVSAS SVPERWIAWS 60
PRPSEASATF RGAPKSILTA RLWASAWRPQ HRGSQNERPW SSSMKTSG 108

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 547

40 (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 547:

PGRRAKRAMA VYVGMLRLGR LCAGSSGVLG ARAALSRWQ EARLQGVRFLL SSREVDRLMVS 60
 TPIGGLSYVQ GCTKKHLNSK TVGQCLETTA QRVPEREALV VLHEDVRLTF AQLKEEW 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 548

- (A) LÄNGE: 117 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 548:

PLLLLELGKGQ PDVFMEDDQG LSFWDPLCCG LQALAHSLAV KMLFGAPLNV AEASDGRGDH 60
 AIHLSGTEEA DTLQPGFLPT PREGGPGPQH PRAPGAQPPQ AQHPDVDSHG SLCPASR 117

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 549

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 549:

RLSGPAAANPR GAAGWRAAGA QELGMSYKPM RPWLPSSTPW SARHPLGPGA PRFPDREACA60
 CAVRGCSV 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 550

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 550:

GHCSFARRTR TPPCQGTGVP RAPGGAWQTR GCCWAARGAW VCRTSPTPGR QRHASRPLL60
GWLRRGSA 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 551

(A) LÄNGE: 68 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 551:

DTAAPHGARA RLPVREPGCP GPQGVPGRPG GAAGQPGAHG FVGHPQLLGA SGTPAGRSSG60
VGCGAAQP 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 552

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 552:

SPISITETQQ FSNLIHTIT CLLRMALYLF SL

32

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 553

(A) LÄNGE: 33 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 553:

ITLQPISQNM FLLLNTQLF YLCVLFMPDH QYQ

33

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 554

(A) LÄNGE: 43 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 554:

SFYFGWSHYN ENKYNAILNR QVMVCIKLLL NCCVSVIDIG DQA

43

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 555

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

50

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 555:

CFTHWNVFPR LWMTSFLMER VQEGWKTPGF KLSIPHMGFS IIFRPEAARP EVRLHLSALF60
VLLLATLGFL LGTMC GCGMC EQKGG 85

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 556

(A) LÄNGE: 106 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 556:

FNDGKTWQLK KTLVTNGGFL LFFPHPPFCS HMPQPHMVPS RNPKVARSSST KRADKCRRTS 60
GRAASGLKMI EKPMWGMLSL NPGVFHPSWT LSIRKEVIHN RGKTFQ 106

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 557

(A) LÄNGE: 109 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 557:

NINYIEIIFL FLLISPLGP HRLSPAQLAQ LAQLAHSPQV SRRHRALTMV GWHGVSNNAN 60
 SSHHPHPHSP SQRPLVVGPA VFQKGLTCTN LRQTYAPFSV SLASPSWED 109

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 558

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 558:

LGIFVAYRNQ LGVPSLMRCS WKAIYARGGF TfvAPPFIDP SAFKKLECEN

50

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 559

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 559:

FRLPFLTWHF CSLQEPWCT FSYEMQLESH LCKRWFHFCR SSIH

44

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 560

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 560:

10

RVNEWRSOKS ETTSCINGFP AASHKRRYTK LVPVSYKNAK LRMGV

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 561

15 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 561:

30

MRSRLPCEGL VARHPRELRV PSVREWIDWP WVL

34

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 562

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 562:

50

VSTHGQSIQK RTEGTRSSRG CRATSPSHGN RLLIQESFPQ NPPRARFQGH PLGRQSRQQP60
FTEAMSQ

67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 563

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 563:

APMASQSRSA LRARVAHAGA VPPALHTAID SSFRNHFLKT HQGLGSKGTR

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 564

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 564:

YSIIFEQFFK CKSVSYSECV SEVIKDISQR YWPISLCNQR NSVSRLLLCV ICGS

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 565

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 565:

10 CTMVNVDNTV SFLSSFLNVN LYLTQSVCLK LLRTFPNVTG PFPFVIRGIL FQDYCCV 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 566

15 (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 566:

30 EKCQPHSLIL LWPFFNFIK SHRSHTTIIL KQNSSDYKGK WASNVGKCP 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 567

35 (A) LÄNGE: 94 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

: :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 567:

50 GEGRVWNPEG SKSRHWPDP APWAPSPRQE QLFSIPSQTS SIFITMTFRE VSQASSRCPT60
IPSGGKRQEN SPRVPVMLLS PSQFRLSRTS YLQP 94

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 568

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 568:

GLTLKKGTFP RGPEIQADPN LTPCSRTQAH RPLNSNPTSP PPPPTPDFLI SWNAFQDWKS60
PQGSSEPILS PARISSMHPG HAFHISRNK 99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 569

- (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 569:

DVLDSLNWGD ESSMTGTRGE FSCLFPPEGI VGHLELAWET SLKVIVIKIE LVWEGMENS60
SCLGLGAQGA GWSGQCLDLL PSGFHTRPS 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 570

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 570:

10 KSIHVSIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60
LSVMAYVNNS VPS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 571

15 (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 571:

30 SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 572

35 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 572:

50 NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIITAFK FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 573

- (A) LÄNGE: 318 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 573:

GNLSLESLCN LYNWRYKNLG NLPHVQLLPE FSTANAGLLY DFQLINVEDF QGVGESEPNP 60
 YFYQNLGEAE YVVALFMYMC LLGYPADKIS ILTTYNGQKH LIRDIINRRC GNNPLIGRPN120
 KVTTVDRFQG QQNDYILLSL VRTRAVGHLR DVRRLVVAMS RARLGLYIFA RVSLFQNCFE180
 LTPAFSQLTA RPLHLHIPT EPFPTTRKNG ERPSHEVQII KNMPQMANFV YNMYMHLIQT240
 THHYHQTLLO LPPAMVEEGE EVQNQETELE TEEAMTVQA DIIPSPTDTS CRQETPAFER300
 ESRPGGEGAI ALGGLGCF 318

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 574

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 574:

KTPKPPQRNC PFPTGAALTL KGWSFLTAAG VCWTGYDVSL NSHGLFFCFQ LCFLILNFLT60
 LFYHSRW 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 575

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 575:

10

SLMIMMCSLY QMHVHVYKV CHLGHIFYYL YFMRWSLSIL SSSWERFCWN YMOMKGASCE 60
LTESWSQFKT VLEEGYSGED IKSKSGSRHG HYQATDIPQM AHCPGSYQRK KNIVILLTLK120
SINSCHLVWS SNQWIVSTSS IDDVANKMLL AIICC 155

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 576

(A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 576:

DHLGFISTKM RTNHGVRKGS LEEHKNLKL GGYHYIISYF HRSDLAKLCI LSLLTFI 57

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 577

(A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 577:

FKFFLMTIFL QNFERKMCSF CCILCKKTAN RGKRTLQIKT ILVSFPQR

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 578

5

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 578:

LYFFKTLKEK CVLFAASFVR RLPTEEKGLY KLRPSWFHFH KDENKSWC

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 579

25

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 579:

GSFPNTMICS HLCGNETKMV LICKVLFPLL AVFLQRMQQK EHIFLSKF

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 580

45

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 580:

10

HCRILQGLSP LVGREKTTQV MRNFYSFQEL EEQLLIKFA LVTKYFYS

48

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 581

15 (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 581:

30

IMPRAPLYRI PLNCNYVLLK SQLVKEELMV SVFVGNTCNT AEFYKGFLLW WAGKKPLKS 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 582

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 582:

50

GTLRPRSSDV LPIYLCFTTC LLSLTPNIFT YFSNSACHKF AASP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 583

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 583:

NVDSQCQTHSL ALIPPLLSSS DIVNNDKQLL CTECFMCCS HFIHMY

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 584

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 584:

LYMCIKCEQH IKKHSVHSSC LSLLTISLLE RRGGIRARLC V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 585

- (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 585:

KSIAHSVIGY FHDFKWFYEE TESSDDVEVL TLKKFKGDLA YRRQEYQVEF NIWCLKWALV60
LSVMAYVNNS VPS 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 586

(A) LÄNGE: 40 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 586:

SADSQEIQRR PGLQTTRVSG RIQHMVLEVG SCFISYGICK 40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 587

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 587:

NKSPLQAPYV EFYLILLSSV GQVSFEFLES QHFNIITAFK FFIKPLEIMK IAYYRVSYAF60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 588

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 588:

GKPLVLHATP LSRCLPLHP TRSLILRPSL HLDPSFHHY LQRCYYAPV YRGCPMTVP 60
 SQSNYSSGPK VWLSRAPLPR RGRPFQALPG WNWCRSLGC IVRPGVGVS LL 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 589

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 589:

GRSREAPAGW PKSTKPPSAR ENPWFSMPHL SPGALCLFTP QEALSYVLLS IYRTPVSITI60
 SRDVAIMRPS TGGARR 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 590

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

AGLDQKEELR GVRQHQHGGV RYTRGSSDTS SSPEGLGMAC HAGAMERVKA KPWDPKSNLT60
AKAPSSSGTP CRRAHNSYIS GDSDGNWGPI DGEKDVG 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 591

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 591:

NGARLTSQPQ LYQRNHFIQI SQHFQRNTNV YGRVNIRSEN PLEEISVSMF IISAFRGLPV60
WAK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 592

(A) LÄNGE: 50 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 592:

NGSEGTVGAV MSTWLHSKNP YEIFTVKFNY TCVTADFGGR QGLGLPFYLS 50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 593

- (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 593:

AYLFIFLK GK NTFTFSSSPE AQTLLYL TTS QLTPLCDHQC GVVRLKDDSG HMTSL 55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 594

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 594:

SGDVCTESH C GLSRVKEKEQ QELSLGRWRR GGIDQARPWP W 41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 595

- (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 595:

5

FKVGLWKGGDI VEGERAVLYT YKWYTPFIHG GQRSSDQVTV VQKVTVA

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO 596

10

(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 596:

25

SVLTTSQRLS SHFKSQIPTR AKVLLDLFHP FSTSLSSTLA APSP

44

Pat ntansprüche

- 5 1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No 1-88, 90-144.
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen
 oder
- 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos 1 - 157, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Pankreastumorgewebe erhöht exprimiert sind.
- 25 4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 157, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
- 30 5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
- 40 7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
- 45 8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 50

9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.

5

10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.

10

11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.

15

12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.

13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

25

14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.

30

15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.

35

16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.

40

17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.

18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

45

19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.

50

20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
- 5 21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.
22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.
- 10 23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 158-596.
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 15 25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.
- 25 27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 158-596, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor.
- 30 28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Pankreastumor verwendet werden können.
- 35 29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157 in sense oder antisense Form.
- 40 30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 158-596 als Arzneimittel in der Getherapie zur Behandlung des Pankreastumors.
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 158-596, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Pankreastumor.
- 45 32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 158-596.
- 50 33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.

34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.

5 35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 157.

10 36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.

15 37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.

38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Zusammenfassung

5 Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen -mRNA, cDNA, genomische Sequenzen- aus Pankreastumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.

10 Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

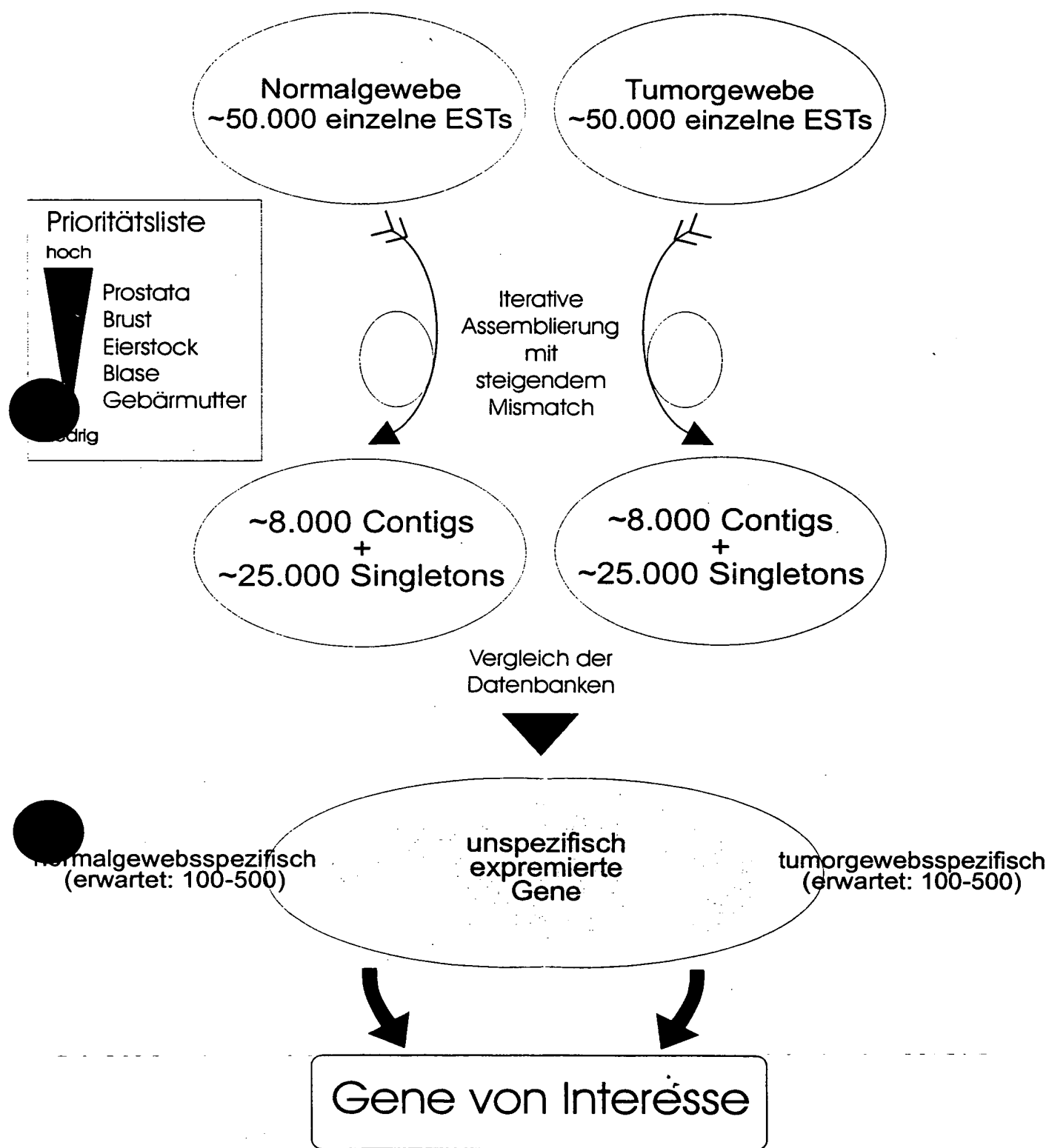


Fig. 1

Prinzip der EST-Assemblierung

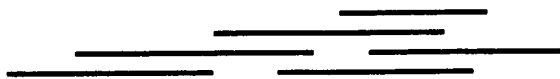
~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch
mit GAP4 (Staden)



Contigs



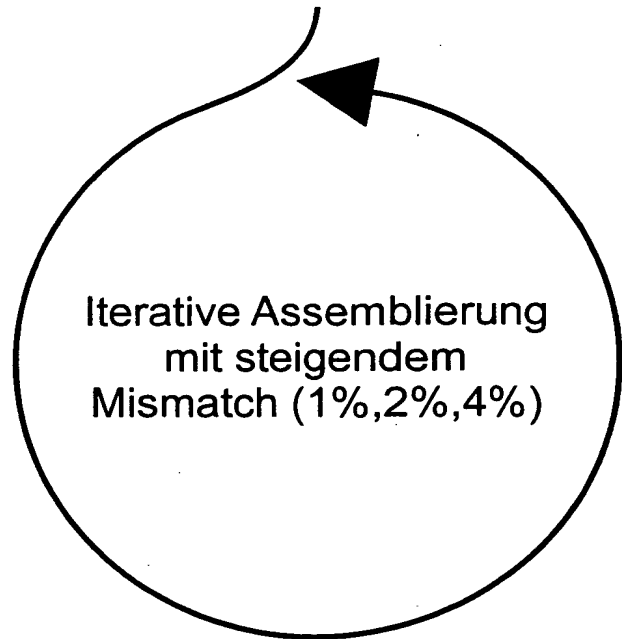
Singletons



In Anzahl und Länge
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung
mit steigendem
Mismatch (1%, 2%, 4%)



5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-
sequenzen pro Gewebe

metaGen
Gesellschaft für Genomforschung und -anwendung

Fig. 2a

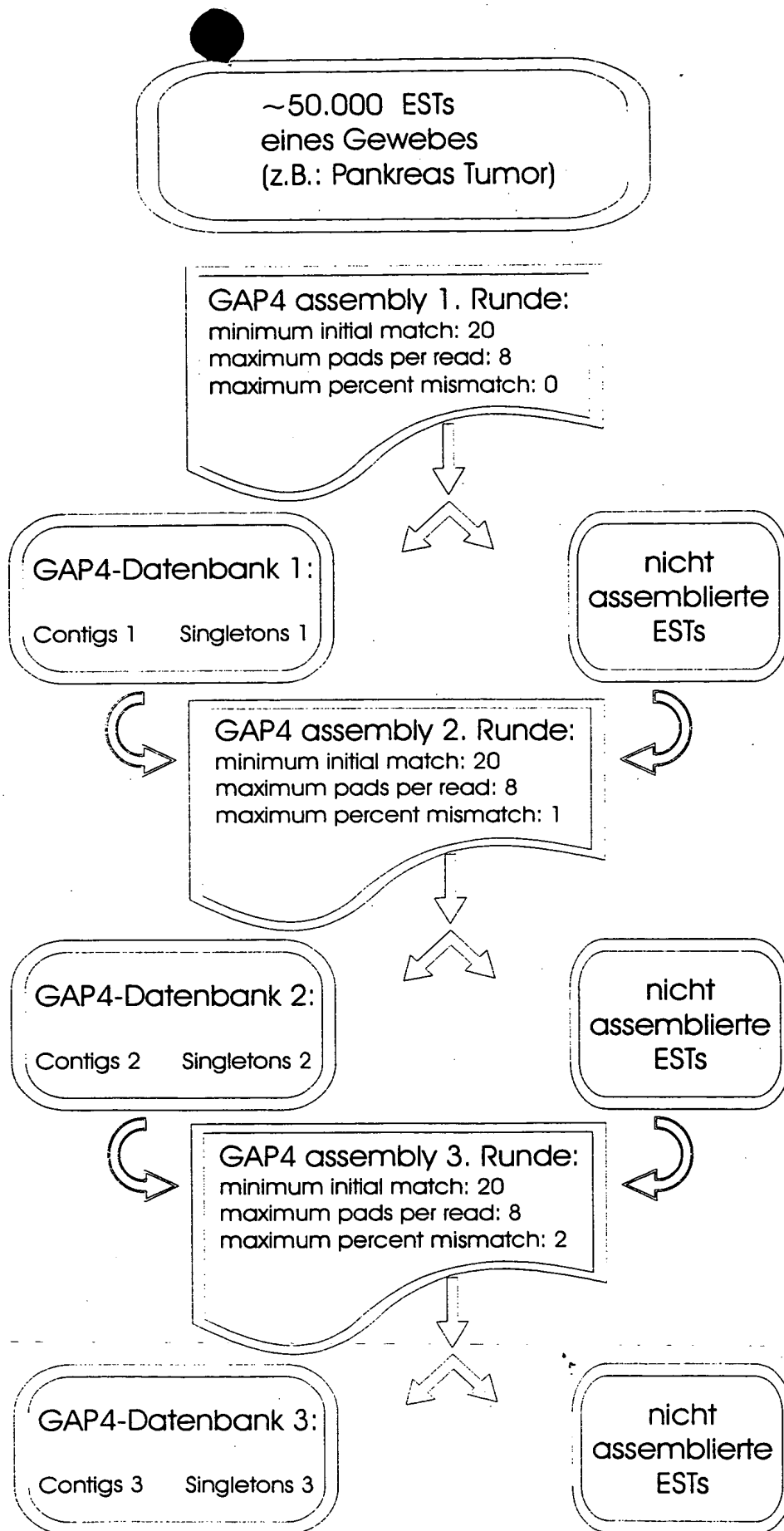


Fig. 2b1

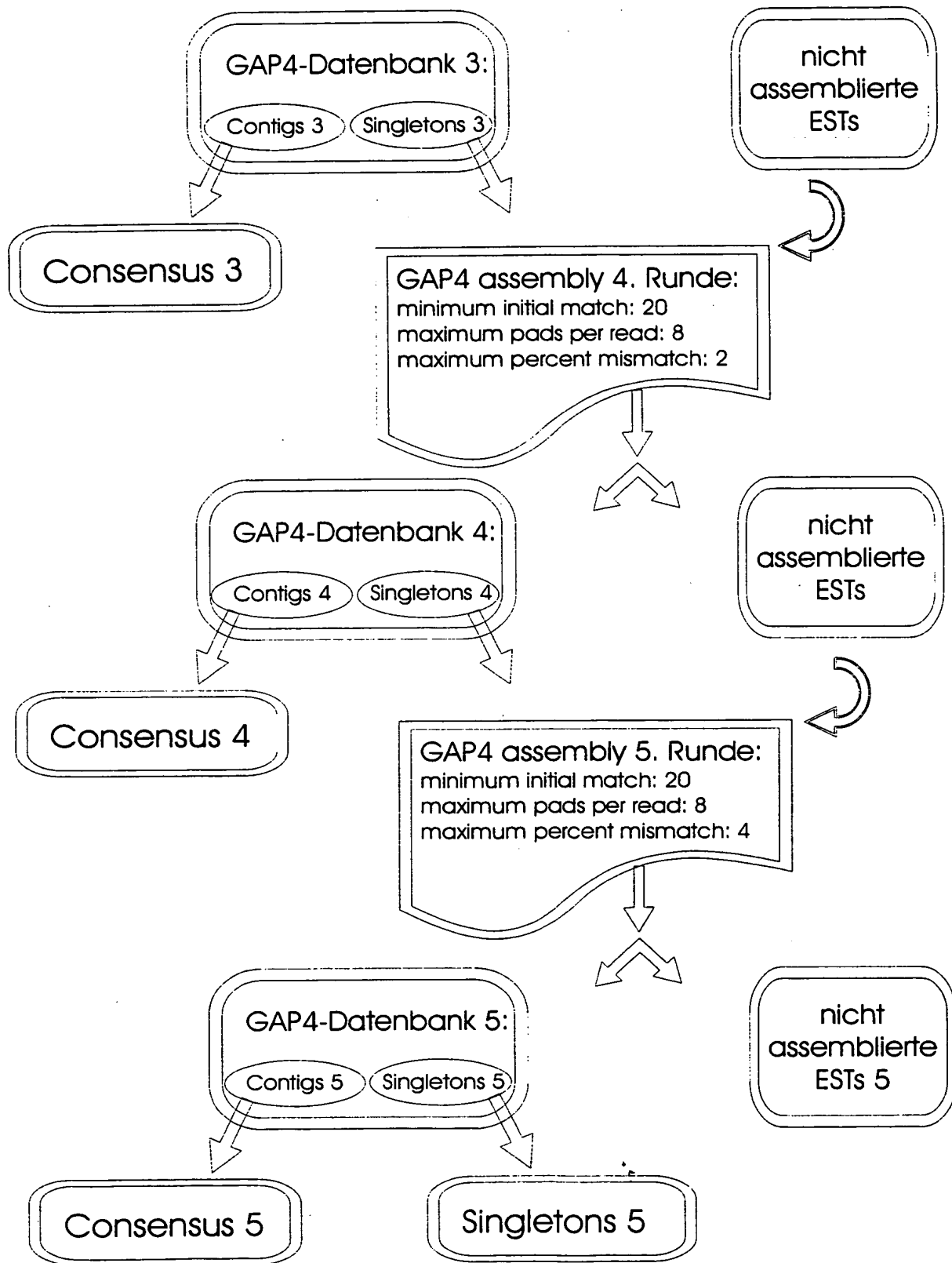


Fig. 2b2

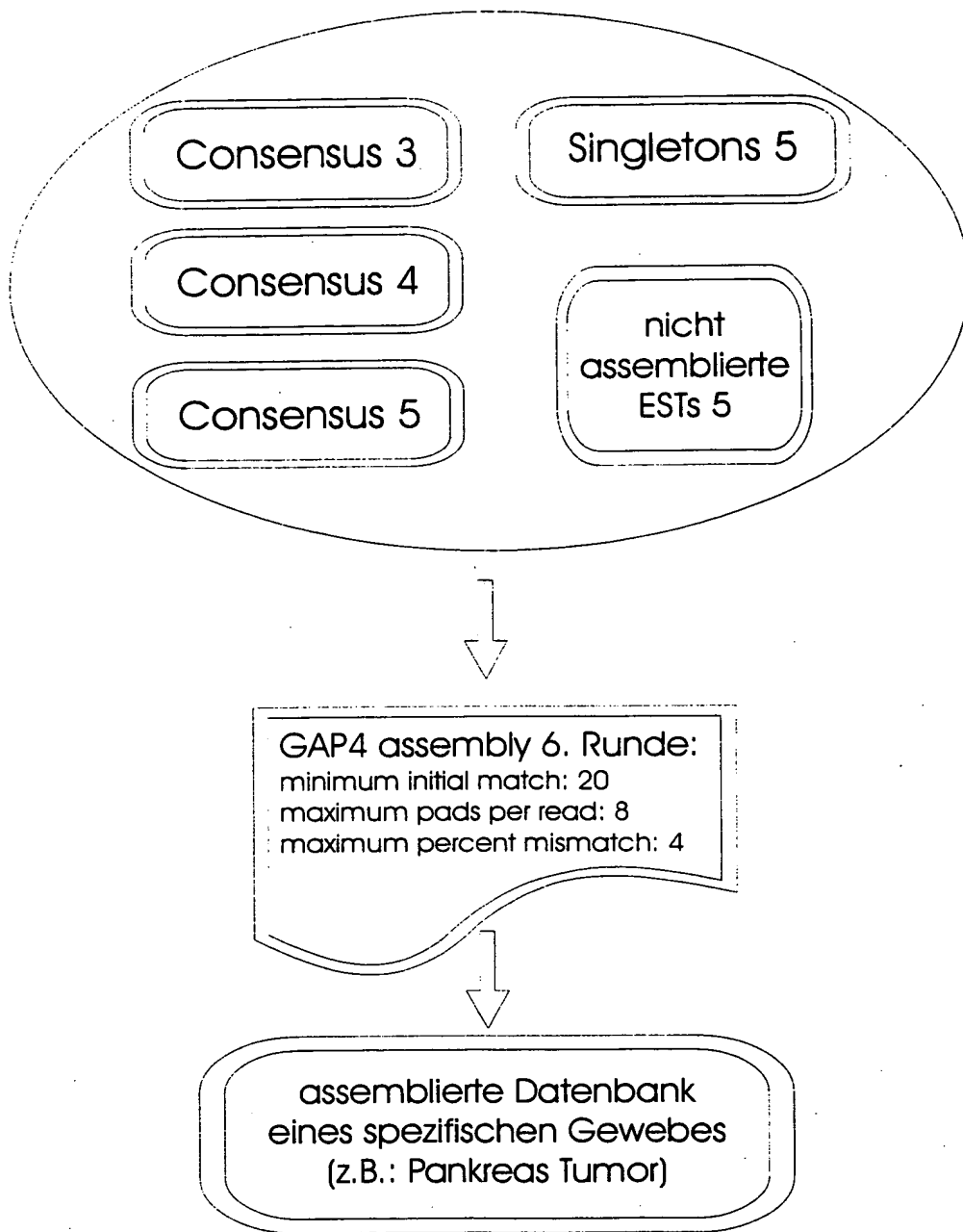


Fig. 2b3

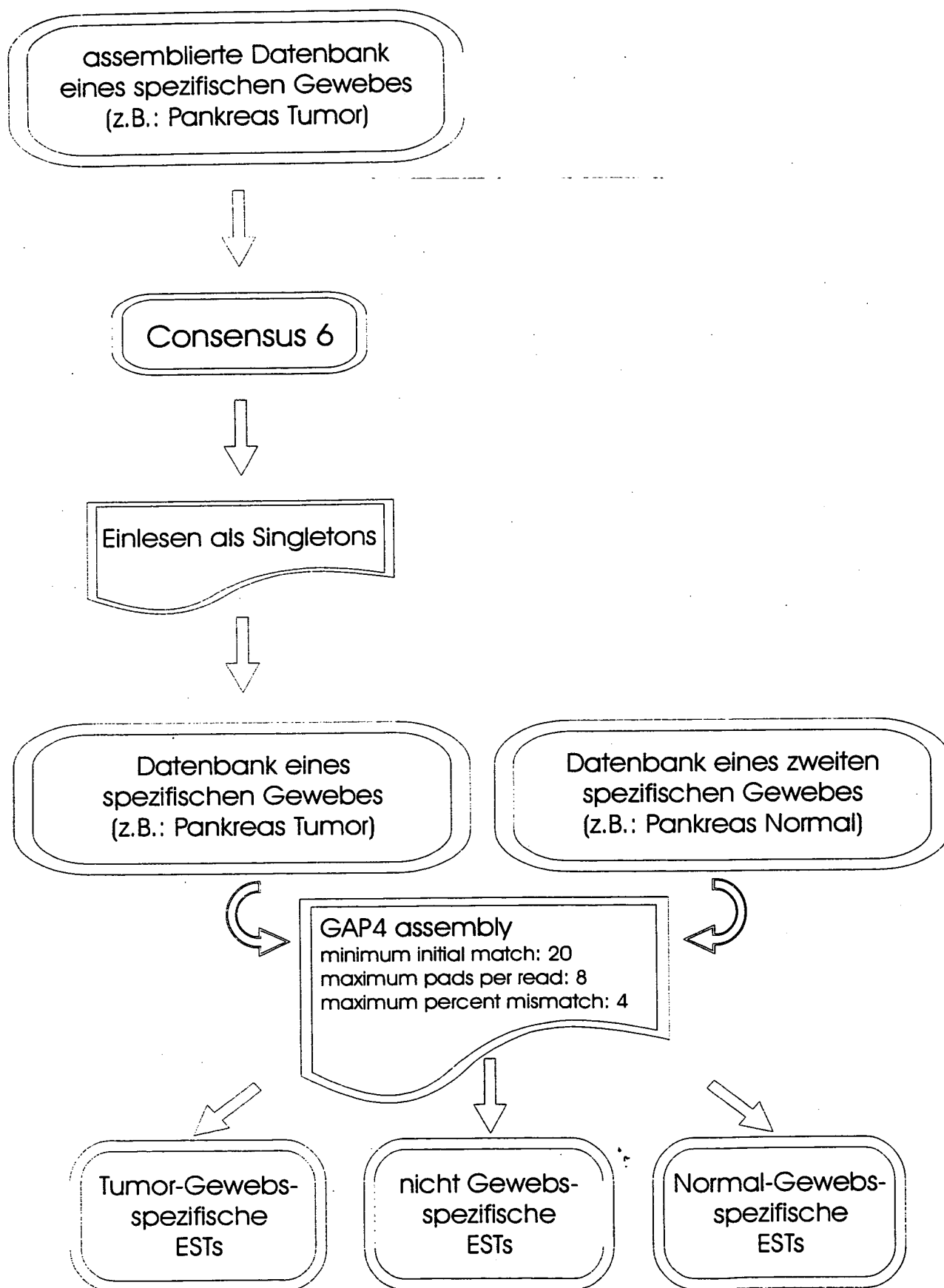
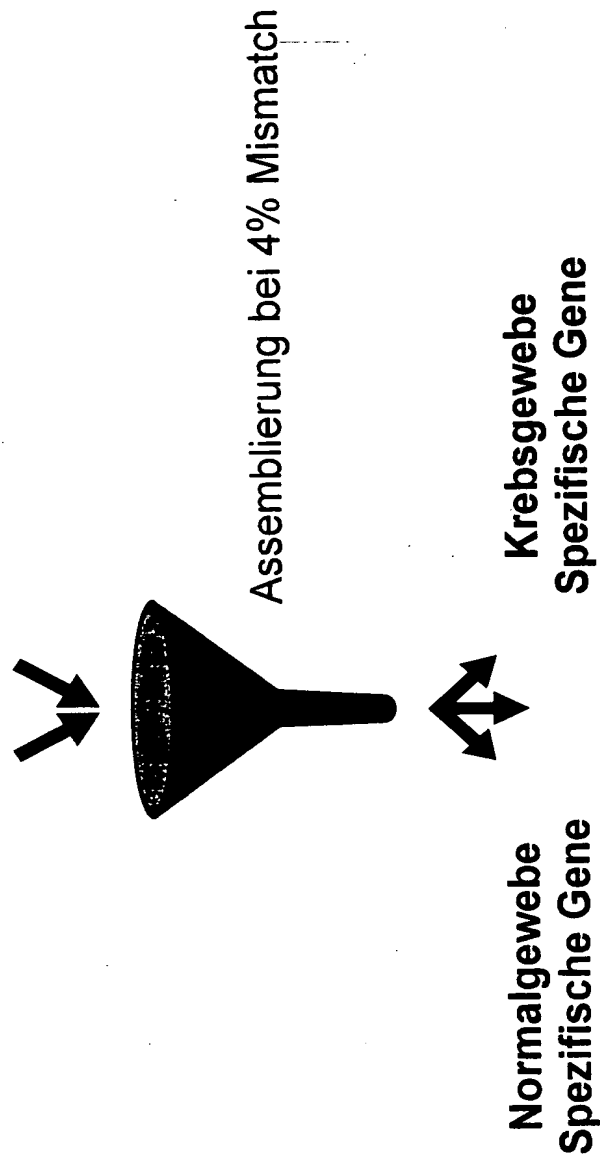


Fig. 2b4

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Krebsgewebe



In beiden Geweben
exprimierte Gene

Fig. 3

Gene von Interesse

Bestimmung der
gewebsspezifischen
Expression über
elektronischen Northern
(INCYTE LifeSeq und
öffentliche EST
Datenbanken)

Kandidatengene für
Tumorsuppressoren oder
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

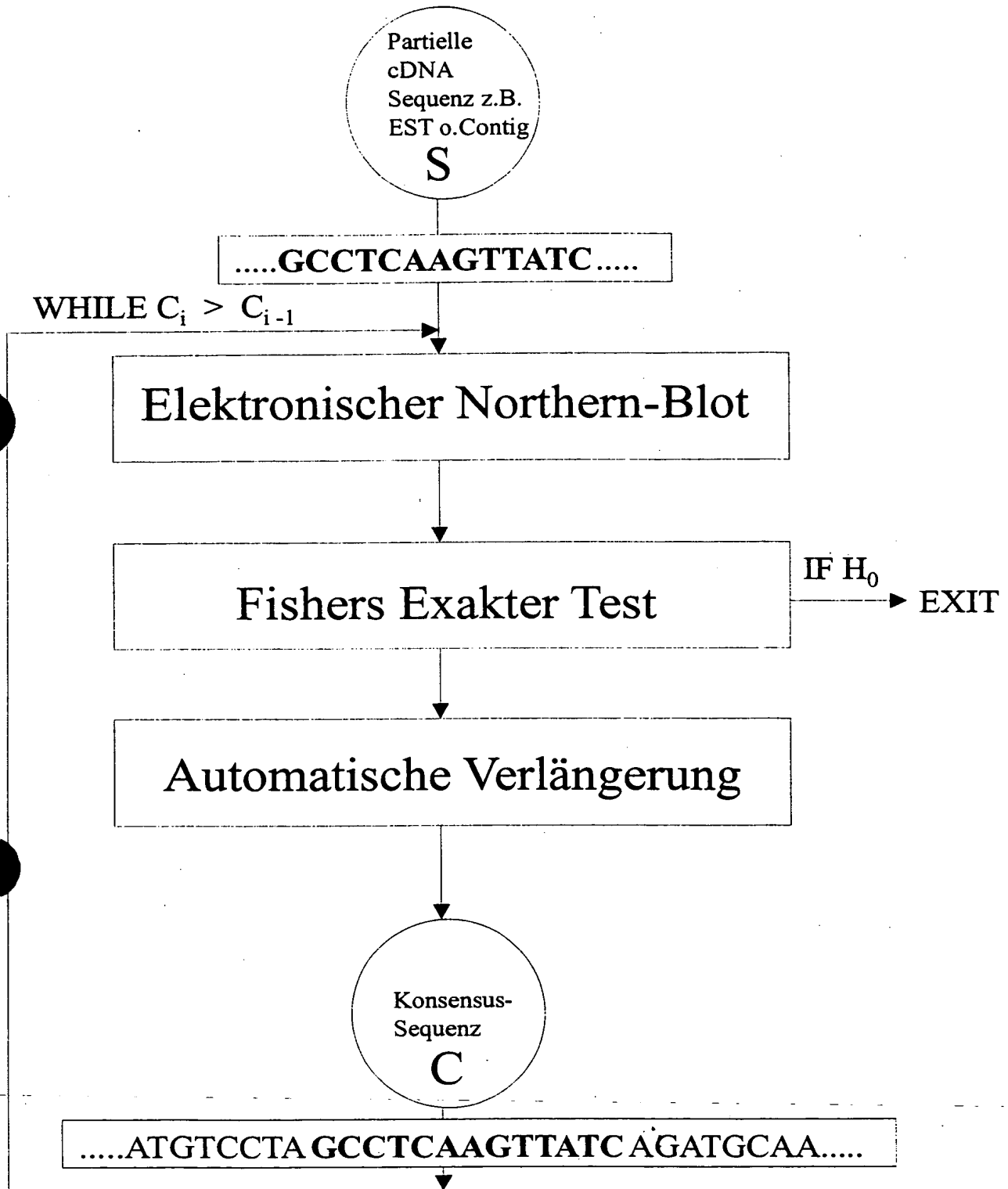


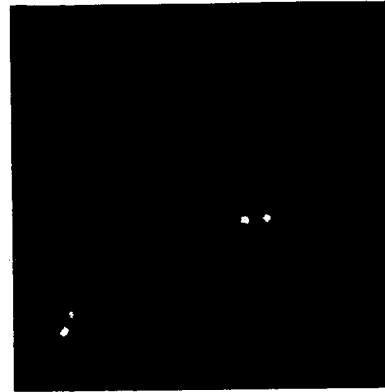
Fig. 4b

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

